

Titre: Comparaison de l'apprentissage automatique classique et de l'apprentissage profond avec le calcul quantique pour la détection de la maladie d'Alzheimer
Title: Comparison of classical machine learning and deep learning with quantum computing for Alzheimer's disease detection

Auteur: Naila Naz
Author: Naila Naz

Date: 2024

Type: Mémoire ou thèse / Dissertation or Thesis

Référence: Naz, N. (2024). Comparaison de l'apprentissage automatique classique et de l'apprentissage profond avec le calcul quantique pour la détection de la maladie d'Alzheimer [Mémoire de maîtrise, Polytechnique Montréal]. PolyPublie.
Citation: <https://publications.polymtl.ca/59613/>

Document en libre accès dans PolyPublie

Open Access document in PolyPublie

URL de PolyPublie: <https://publications.polymtl.ca/59613/>
PolyPublie URL:

Directeurs de recherche: Steven Dufour
Advisors:

Programme: Maîtrise recherche en mathématiques appliquées
Program:

POLYTECHNIQUE MONTRÉAL

affiliée à l'Université de Montréal

**Comparaison de l'apprentissage automatique classique et de l'apprentissage profond avec
le calcul quantique pour la détection de la maladie d'Alzheimer**

NAILA NAZ

Département de mathématiques et de génie industriel

Mémoire présenté en vue de l'obtention du diplôme de *Maîtrise ès sciences appliquées*

Mathématiques appliquées

Octobre 2024

POLYTECHNIQUE MONTRÉAL

affiliée à l'Université de Montréal

Ce mémoire intitulé :

**Comparaison de l'apprentissage automatique classique et de l'apprentissage profond avec
le calcul quantique pour la détection de la maladie d'Alzheimer**

présenté par **Naila NAZ**

en vue de l'obtention du diplôme de *Maîtrise ès sciences appliquées*

a été dûment accepté par le jury d'examen constitué de :

Luc ADJENGUE, président

Steven DUFOUR, membre et directeur de recherche

Donatien Kouakou N'DRI, membre

DÉDICACE

*Je dédie ce mémoire à mes parents, dont l'amour,
le soutien et les encouragements ont été
inestimables tout au long de mon parcours
académique. Merci de croire en moi et de me
motiver à atteindre mes objectifs. Cette maîtrise en
mathématiques appliquées vous est dédiée, avec
toute ma gratitude et mon affection.*

Avec tout mon amour,

Naila Naz

REMERCIEMENTS

Je tiens à exprimer ma profonde gratitude à toutes les personnes qui ont contribué à la réalisation de ce mémoire.

Tout d'abord, je souhaite remercier mon directeur de recherche, Dr. Steven Dufour, pour sa supervision, ses précieux conseils et son soutien tout au long de ce projet. Sa vision et son expertise ont été essentielles pour mener à bien cette recherche.

Un grand merci à mes amis et à ma famille pour leur amour, leur patience et leur soutien constant. Vos encouragements m'ont permis de garder le cap et de rester motivée dans les moments difficiles.

Enfin, je dédie ce travail à mes parents, dont le soutien indéfectible et les sacrifices m'ont permis de poursuivre mes études et de réaliser mes ambitions académiques. Merci de croire en moi et de m'inspirer à toujours donner le meilleur de moi-même.

Avec toute ma gratitude,

Naila Naz

RÉSUMÉ

La détection précoce de la maladie d'Alzheimer (AD) peut permettre des traitements susceptibles de ralentir sa progression, améliorant ainsi la qualité de vie des patients. La détection précoce de l'AD est difficile car ses symptômes initiaux peuvent être confondus avec les signes habituels du vieillissement. Cette étude fournit une évaluation complète des modèles d'apprentissage automatique classiques et de leurs versions quantiques (QML) dans le contexte de la détection précoce de l'AD. La recherche se concentre sur des modèles tels que l'Adaboost (ADB), les réseaux de neurones artificiels (ANN), les machines à vecteurs de support (SVM) et le classificateur bayésien naïf (NBC), en comparant leurs versions classiques et améliorées par la technologie quantique pour déterminer l'impact des principes de l'informatique quantique sur la performance des modèles.

Les résultats révèlent que les modèles améliorés par la technologie quantique surpassent généralement leurs équivalents classiques, démontrant des améliorations significatives en termes de précision, de sensibilité et de F1-score. Ces résultats soulignent le potentiel de l'informatique quantique à améliorer considérablement l'efficacité des algorithmes de ML dans le diagnostic médical.

Une analyse comparative détaillée entre les réseaux neuronaux convolutionnels classiques (CNN) et les réseaux neuronaux convolutionnels quantiques (QCNN) renforce encore les avantages des améliorations quantiques. Le modèle QCNN a atteint une précision plus élevée de 88,42 % par rapport au modèle CNN classique de 85,15 %, ainsi qu'une précision supérieure de 89,17 % contre 86,73 %, une sensibilité de 86,35 % contre 83,22 % et un F1-score de 87,74 % contre 84,94 %. Ces métriques indiquent que le QCNN ne se contente pas de classifier les instances plus précisément, mais réduit également les faux positifs et identifie plus efficacement les vrais positifs. La capacité du QCNN à tirer parti de la superposition et de l'intrication quantiques lui permet de traiter et de représenter des motifs de données complexes plus efficacement, conduisant à une meilleure performance globale.

L'étude démontre les avantages considérables des modèles de ML améliorés par la technologie quantique par rapport à leurs homologues classiques. Les métriques de performance améliorées des modèles de ML quantique soulignent le potentiel transformateur de l'informatique quantique dans la détection précoce de la maladie d'Alzheimer. Bien que nécessitant plus d'époques pour l'entraînement, les gains de performance substantiels observés dans les modèles améliorés par la technologie quantique justifient l'effort computationnel supplémentaire. Les recherches futures devraient se concentrer sur l'optimisation des algorithmes quantiques et l'exploration de modèles hybrides pour exploiter davantage la puissance de l'informatique quantique dans le diagnostic médical, conduisant finalement à des modèles de détection précoce plus efficaces.

ABSTRACT

Early detection of Alzheimer's Disease (AD) can help with treatments that may slow down its progression, improving the quality of life of patients. Early AD detection is challenging as its initial symptoms can be mistaken for the usual signs of aging. This study provides a comprehensive evaluation of classical Machine Learning (ML) models and their Quantum-ML (QML) variants in the context of the early detection of AD. The research focuses on models such as Adaptive Boosting (ADB), Artificial Neural Network (ANN), Support Vector Machine (SVM), and Naive Bayes Classifier (NB), comparing their classical and quantum-enhanced versions to determine the impact of quantum computing principles on model performance. The findings reveal that quantum-enhanced models generally outperform their classical equivalents, demonstrating significant improvements in accuracy, precision, recall, and F1-score. These results underscore the potential of quantum computing to substantially enhance the efficacy of ML algorithms in medical diagnostics.

A detailed comparative analysis between the Classical Convolutional Neural Networks (CNNs) and Quantum CNNs (QCNNs) further reinforces the advantages of quantum enhancements. The Quantum Convolutional Neural Network model achieved a higher accuracy of 88.42% compared to the classical Convolutional Neural Network model's 85.15%, along with superior precision of 89.17% versus 86.73%, the recall of 86.35 %versus 83.22%, and the F1-score of 87.74% versus 84.9%. These metrics indicate that the Quantum Convolutional Neural Network not only classifies instances more accurately, but also reduces the number of false positives and identifies true positives more effectively. The ability of Quantum Convolutional Neural Network to leverage quantum superposition and entanglement enables it to process and represent complex data patterns more efficiently, leading to better overall performance.

The study demonstrates the considerable advantages of quantum-enhanced ML models over their classical counterparts. The improved performance metrics of quantum ML models highlight the transformative potential of quantum computing in early detection of Alzheimer's disease. Despite requiring more epochs for training, the substantial performance gains observed in quantum-enhanced models justify the additional computational effort. Future research should focus on

optimizing quantum algorithms and exploring hybrid models to further harness the power of quantum computing in medical diagnostics, ultimately leading to more efficient and effective early detection models.

TABLE DES MATIÈRES

DÉDICACE	III
REMERCIEMENTS	IV
RÉSUMÉ	V
ABSTRACT	VII
TABLE DES MATIÈRES	IX
LISTE DES TABLEAUX	XIII
LISTE DES FIGURES	XIV
LISTE DES SIGLES ET ABRÉVIATIONS	XV
CHAPITRE 1 INTRODUCTION	1
1.1 Problématique	1
1.2 Motivation	1
1.3 Importance des systèmes d'apprentissage automatisés dans la détection de la maladie d'Alzheimer	1
1.3.1 Apprentissages automatique (ML)	1
1.3.2 Apprentissage profond (DL)	2
1.3.3 Apprentissage quantique (QML)	2
1.4 Objectifs:	2
1.5 Structure de la thèse	3
CHAPITRE 2 REVUE DE LA LITTÉRATURE	4
2.1 Compréhension de la Maladie d'Alzheimer	4
2.1.1 Aperçu de la Maladie d'Alzheimer	4
2.1.2 Physiopathologie de la Maladie d'Alzheimer	5

2.1.3	Méthodes de Diagnostic Traditionnelles	5
2.2	Importance de la Détection Précoce	6
2.2.1	Raisons de la Détection Précoce	6
2.2.2	Défis de la Détection Précoce	6
2.2.3	Rôle de l'Imagerie Médicale.....	6
2.3	Apprentissage Automatique dans la Détection de la Maladie d'Alzheimer	7
2.3.1	Aperçu de l'Apprentissage Automatique	9
2.3.2.1	Sélection des Caractéristiques en Apprentissage Automatique	9
2.4	Apprentissage profond (DL)	10
2.5	Apprentissage machine quantique (QML)	14
2.6	Analyse comparative	17
2.7	Différenciation entre les modèles classiques et quantiques:	19
CHAPITRE 3 MÉTHODOLOGIE.....		20
3.1	Ensemble de données pour le d'apprentissage automatique (ML)	20
3.1.1	Prétraitement des données	20
•	Gestion des valeurs manquantes.....	20
•	Normalisation des données.....	20
•	L'approche de sélection des fonctionnalités	21
•	La méthode de filtrage.....	21
3.1.2	Modèles d'apprentissage automatique sélectionnés	22
3.2	Jeu de données pour le d'apprentissage profond (DL)	28
3.2.1	Prétraitement d'imagerie par résonance magnétique(MRI)	30
3.2.2	Extraction du crâne.....	30

3.2.3	Normalisation spatiale	31
3.2.4	Le lissage	32
3.2.5	Ingénierie des caractéristiques	32
3.2.6	Les modèles d'apprentissage profond (DL) choisis	33
CHAPITRE 4 CONFIGURATION EXPÉRIMENTALE ET RÉSULTATS		38
4.1	Configuration de l'environnement	38
4.2	Indicateurs de performance	38
4.3	Bibliothèques Utilisées	39
4.3.1	Pandas (import pandas as pd)	39
4.3.2	NumPy (import numpy as np)	39
4.3.3	Scikit-learn (from sklearn...)	39
4.3.4	Matplotlib (import matplotlib.pyplot as plt)	40
4.3.5	Plotly (import plotly...)	40
4.3.6	PennyLane (import pennylane as qml)	40
4.3.7	Torch (import torch)	41
4.3.8	TensorFlow (import tensorflow as tf)	41
4.3.9	Nibabel (import nibabel as nib)	41
4.4	Configurations des modèles d'apprentissage automatique (ML)	41
4.4.1	<<Dispositif quantique>>	42
4.4.2	Circuit quantique	44
4.5	Configuration du modèle d'apprentissage profond (DL)	45
4.6	Résultats des modèles d'apprentissage automatique (ML) et d'apprentissage automatique quantique (QML)	47

4.6.1	Validation Croisée et Validation des Performances des Modèles :.....	51
4.7	Résultats des modèles d'apprentissage profond (DL) et d'apprentissage profond quantique (QML).....	54
4.8	Discussion	58
4.8.1	Interprétation des résultats des modèles classiques et quantiques	58
4.8.2	Comparaison détaillée entre les modèles ML et QML.....	59
4.8.3	Modèles d'apprentissage profond et quantique	59
4.8.4	Comparaison avec la littérature existante.....	60
4.8.5	Implications des résultats et applications pratiques	60
CHAPITRE 5 CONCLUSION ET ORIENTATIONS FUTURES.....		61
5.1	Conclusion.....	61
5.2	Orientations futures	63
RÉFÉRENCES		65

LISTE DES TABLEAUX

Tableau 4.1. Tableau de configuration des modèles ML et QML	43
Tableau 4.2. Couches et paramètres dans le modèle CNN pour les images MRI.....	45
Tableau 4.3. Tableau de Configuration du Modèle	46
Tableau 4.4. Résultats ML et QML.....	47

LISTE DES FIGURES

Figure 3.1. Vue d'ensemble de la méthodologie de recherche proposée.....	22
Figure 3.2. Exemples de vues d'images MRI de la base de données ADNI(Irfan et al., 2023)	29
Figure 3.3.Vues MRIprétraitées ; (A) Tranche sagittale, (B) Tranche coronale, et (C) Tranche transversale (Irfan et al., 2023).....	30
Figure 3.4. Exemple de démonstration des couches convolutionnelles, de pooling et entièrement connectées du modèle CNN(Irfan et al., 2023)	35
Figure 4.1. L'architecture des couches utilisées dans le CNN(Irfan et al., 2023)	46
Figure 4.2. Résultats des modèles ML classiques	48
Figure 4.3. Résultats du ML quantique	49
Figure 4.4. Progression de l'entraînement et de la validation du CNN	55
Figure 4.5. Progression de l'entraînement et de la validation du QCNN	55
Figure 4.6. Analyse comparative entre CNN et QCNN	57

LISTE DES SIGLES ET ABRÉVIATIONS

AD	Alzheimer's Disease
ADNI	Alzheimer's Disease Neuroimaging Initiative
AdBE	AdaBoost Ensemble
ANN	Artificial Neural Network
APOE	Apolipoprotein E
AUC	Area Under the Curve
CDR	Clinical Dementia Rating
CN	Cognitive Normal
CNN	Convolutional Neural Network
FAQ	Functional Activities Questionnaire
GBDT	Gradient Boosting Decision Tree
LSTM	Long Short-Term Memory
MCI	Mild Cognitive Impairment
ML	Machine Learning
MMSE	Mini-Mental State Examination
MRI	Magnetic Resonance Imaging
NB	Naive Bayes
PCA	Principal Component Analysis
PET	Positron Emission Tomography
QML	Quantum Machine Learning
RMSE	Root Mean Squared Error

ROC	Receiver Operating Characteristic
SGD	Stochastic Gradient Descent
SUVR	Standardized Uptake Value Ratio
SVM	Support Vector Machine

CHAPITRE 1 INTRODUCTION

1.1 Problématique

La maladie d'Alzheimer (MA) est un trouble neurodégénératif qui entraîne une détérioration progressive des fonctions cognitives. La détection précoce de cette maladie est essentielle pour une prise en charge plus efficace et une meilleure qualité de vie. Cependant, les méthodes de diagnostic traditionnelles ne parviennent souvent pas à identifier la maladie aux premiers stades. Les avancées récentes dans l'apprentissage automatique (ML), l'apprentissage profond (DL) et l'apprentissage quantique (QML) montrent un potentiel prometteur pour améliorer la précision et l'efficacité de la détection précoce de la MA à partir de données d'imagerie médicale.(Alber et al., 2020).

1.2 Motivation

La détection précoce de la maladie d'Alzheimer est cruciale pour améliorer les résultats cliniques et la qualité de vie des patients. Les méthodes de diagnostic actuelles, telles que les évaluations cliniques et les tests neuropsychologiques, sont souvent insuffisantes pour identifier la MA à ses stades précliniques. Les techniques d'imagerie avancées, associées au ML, DL et QML, offrent la possibilité de détecter des motifs subtils dans la structure et la fonction cérébrale, pouvant indiquer l'apparition de la maladie avant l'apparition des symptômes cliniques. Cette thèse vise à explorer et comparer ces techniques d'apprentissage afin de déterminer le modèle le plus efficace pour la détection précoce de la MA.

1.3 Importance des systèmes d'apprentissage automatisés dans la détection de la maladie d'Alzheimer

1.3.1 Apprentissages automatique(ML)

L'apprentissage automatique permet aux ordinateurs d'analyser des données, de détecter des motifs et de faire des prédictions sans programmation explicite. Les techniques de ML sont largement utilisées dans le domaine de la santé, en particulier pour analyser des données

d'imagerie médicale afin d'aider à la détection de maladies. Dans le cas de la maladie d'Alzheimer, les modèles de ML peuvent traiter des données complexes et identifier des biomarqueurs précoce qui peuvent passer inaperçus avec les méthodes de diagnostic traditionnelles.

1.3.2 Apprentissage profond(DL)

L'apprentissage profond, sous-ensemble du ML, a montré un succès remarquable dans le traitement des données médicales à haute dimension, telles que les images IRM. Grâce à l'utilisation de réseaux neuronaux, les modèles de DL peuvent automatiquement apprendre des représentations hiérarchiques des données, conduisant à une détection plus précise et fiable de la MA. Ces techniques sont particulièrement utiles pour détecter des motifs subtils dans les images cérébrales, contribuant ainsi à un diagnostic plus précoce.

1.3.3 Apprentissage quantique (QML)

L'apprentissage quantique, un domaine émergent, combine l'informatique quantique avec les techniques de ML. En exploitant des propriétés quantiques telles que la superposition et l'intrication, le QML a le potentiel de révolutionner la détection de la MA, offrant de meilleures performances en termes de précision, rapidité et efficacité des ressources. Bien qu'il soit encore à ses débuts, le QML est attendu comme un acteur majeur dans le domaine du diagnostic médical dans les années à venir.

1.4 Objectifs:

Cette thèse vise à:

- Développer et mettre en œuvre des modèles d'apprentissage automatique (ML), d'apprentissage profond (DL) et d'apprentissage quantique (QML) pour détecter la maladie d'Alzheimer à partir de données d'imagerie médicale telles que les IRM.
- Comparer la précision de classification de ces modèles pour déterminer la méthode la plus efficace pour la détection précoce de la MA.

- Analyser l'efficacité computationnelle des modèles, y compris le temps d'entraînement, la vitesse d'inférence et l'utilisation des ressources.
- Évaluer la robustesse et la capacité de généralisation des modèles à travers différents ensembles de données et groupes de patients.

1.5 Structure de la thèse

La structure de cette thèse est la suivante :

- **Chapitre 2** : Revue de la littérature – Ce chapitre examine la progression de la maladie d'Alzheimer et les méthodes de diagnostic existantes, en se concentrant sur les techniques traditionnelles basées sur l'imagerie et les avancées récentes du ML, DL et QML pour la détection de la maladie.
- **Chapitre 3** : Méthodologie – Décrit le développement et la mise en œuvre des modèles de ML, DL et QML pour détecter la maladie d'Alzheimer à partir de données d'imagerie médicale.
- **Chapitre 4** : Résultats et analyse – Présente les résultats des comparaisons des modèles, en analysant leur précision, leur efficacité et leur robustesse.
- **Chapitre 5** : Conclusion – Résume les résultats et discute des implications pour la recherche future et les applications cliniques dans la détection précoce de la maladie d'Alzheimer.

CHAPITRE 2 REVUE DE LA LITTÉRATURE

Le chapitre précédent a présenté les questions de recherche, la méthodologie, ainsi que les objectifs et contributions de la thèse, en se concentrant sur la détection précoce de la maladie d'Alzheimer (MA) en utilisant l'apprentissage automatique (ML), l'apprentissage profond (DL) et l'apprentissage automatique quantique (QML). Cette thèse se penche principalement sur la **comparaison des méthodes d'apprentissage** (automatique, profond, et quantique) pour la détection de la MA. La maladie d'Alzheimer est une condition neuro dégénérative marquée par une perte de mémoire et une déficience cognitive. Étant la forme de démence la plus répandue, elle présente des défis sérieux pour les patients ainsi que pour les prestataires de soins de santé à travers le monde. Les troubles neuro dégénératifs sont un groupe de maladies chroniques et progressives qui entraînent une perte progressive de la structure et de la fonction des neurones au sein du système nerveux central. Ces maladies affectent principalement les personnes âgées, entraînant une perte des capacités cognitives, physiques et comportementales.

D'autre part, le chapitre 2 présente une revue de littérature détaillée des maladies neuro dégénératives en se concentrant sur le rôle de l'apprentissage automatique (ML), de l'apprentissage profond (DL) et de l'apprentissage automatique quantique (QML) dans la détection automatisée. Ce chapitre analyse précisément les différentes méthodes développées par les chercheurs dans les modèles sélectionnés. Avec une exploration approfondie des modalités diagnostiques, y compris l'IRM, la TEP et les tests cognitifs, le chapitre éclaire les particularités de la progression de la maladie et l'importance primordiale de la détection précoce.

2.1 Compréhension de la Maladie d'Alzheimer

2.1.1 Aperçu de la Maladie d'Alzheimer

La maladie d'Alzheimer (MA) est un trouble neuro dégénératif progressif qui affecte principalement le cerveau, entraînant un déclin graduel des fonctions cognitives, y compris la mémoire, le langage, la résolution de problèmes et la prise de décision. Elle représente entre 60 % et 80 % de tous les cas de démence (Ford et al., 2019). La maladie progresse à travers plusieurs stades : préclinique, trouble cognitif léger (TCL) et différents stades de démence. Aux premiers

stades, les individus peuvent éprouver des changements subtils de mémoire et de cognition souvent confondus avec le déclin cognitif normal lié à l'âge. À mesure que la maladie avance, les déficits cognitifs et fonctionnels s'aggravent, affectant considérablement les activités de la vie quotidienne et la qualité de vie globale.

La prévalence mondiale de la MA devrait augmenter de manière significative, avec environ 24 millions de personnes affectées dans le monde, un chiffre qui devrait doubler tous les 20 ans (Brookmeyer et al., 2007). Les facteurs de risque de la MA incluent l'âge avancé, les antécédents familiaux, la prédisposition génétique et certains facteurs de mode de vie, tels que de mauvaises habitudes de sommeil et des traumatismes crâniens. La nature progressive et invalidante de la MA souligne la nécessité de stratégies de détection précoce et d'intervention efficaces pour améliorer les résultats pour les patients et alléger les charges sociétales.

2.1.2 Physiopathologie de la Maladie d'Alzheimer

La physiopathologie de la MA est caractérisée par l'accumulation de plaques de bêta-amyloïde et d'enchevêtrements de tau dans le cerveau, conduisant à une dysfonction synaptique et à une perte neuronale. Comprendre les mécanismes sous-jacents et les stades de la MA est crucial pour développer des stratégies de diagnostic et de traitement efficaces. La recherche continue d'éclairer la pathogénie complexe de la MA, ouvrant la voie à des avancées dans la détection précoce et les approches de traitement personnalisé (Acharya et al., 2024).

2.1.3 Méthodes de Diagnostic Traditionnelles

Le diagnostic précoce et précis de la MA reste un défi majeur en raison de la nature complexe et hétérogène de la maladie. Les méthodes de diagnostic traditionnelles, y compris les évaluations cognitives et les tests neuropsychologiques, échouent souvent à détecter la MA à ses débuts, lorsque les interventions peuvent être les plus efficaces (Reitz et al., 2011). Les cliniciens se tournent de plus en plus vers des techniques avancées d'imagerie médicale, telles que l'imagerie par résonance magnétique (IRM), la tomographie par émission de positrons (TEP) et l'imagerie optique, pour mettre en évidence des changements subtils dans la structure et la fonction

cérébrales qui pourraient servir de bio marqueurs précoce de la maladie d'Alzheimer (Alber et al., 2020).

2.2 Importance de la Détection Précoce

2.2.1 Raisons de la Détection Précoce

La détection précoce de la maladie d'Alzheimer est essentielle pour améliorer le pronostic et la qualité de vie des individus affectés. Une intervention et une gestion en temps opportun peuvent ralentir la progression de la maladie et prolonger l'indépendance fonctionnelle (Klyucherev et al., 2022). Cela est crucial car les stades avancés de la MA sont caractérisés par un déclin cognitif sévère, des changements de comportement et une perte significative d'indépendance, imposant un lourd fardeau aux patients, aux soignants et aux systèmes de santé.

2.2.2 Défis de la Détection Précoce

Malgré son importance, la détection précoce de la MA reste difficile, car les symptômes sont souvent subtils et confondus avec des changements cognitifs normaux liés à l'âge. Les méthodes de diagnostic traditionnelles, telles que les évaluations cliniques, les tests neuropsychologiques et l'analyse des biomarqueurs, présentent des limites dans la détection précise de la maladie d'Alzheimer à ses débuts (Dong et al., 2021). Ce défi a conduit à l'exploration de techniques avancées de diagnostic, y compris l'imagerie médicale et l'apprentissage automatique, pour améliorer la détection précoce et le suivi de la progression de la maladie (Jo et al., 2019).

2.2.3 Rôle de l'Imagerie Médicale

Les technologies d'imagerie médicale, telles que l'IRM, la TEP et la tomodensitométrie (TDM), sont devenues des outils inestimables pour le diagnostic et la gestion de la maladie d'Alzheimer (Lv et al., 2023). Ces modalités d'imagerie fournissent des informations détaillées sur les changements structurels et fonctionnels dans le cerveau associés à la pathologie de la maladie d'Alzheimer. Par exemple, l'IRM structurale peut détecter une atrophie dans des régions cérébrales telles que l'hippocampe et le cortex entorhinal, qui sont parmi les premières zones

touchées par la MA, tandis que l'imagerie TEP peut révéler des altérations du métabolisme du glucose et la déposition de protéines bêta-amyloïdes et tau.

2.3 Apprentissage Automatique dans la Détection de la Maladie d'Alzheimer

L'apprentissage automatique (AA) représente une technique prometteuse et émergente pour la détection précoce de la maladie d'Alzheimer. Les modèles d'AA suivent une série d'étapes clés pour identifier, entraîner et tester des algorithmes, dans le but de déterminer les caractéristiques d'intérêt au sein d'un ensemble de données donné. Les caractéristiques extraites jouent un rôle crucial dans la performance des modèles de prédiction de la démence.

Dans le contexte de l'apprentissage automatique, le processus de sélection des caractéristiques appropriées à partir d'un ensemble de données pour entraîner le modèle est connu sous le nom de sélection de caractéristiques. Cette étape est essentielle pour le nettoyage des ensembles de données (Tang et al., 2014). Dans les ensembles de données contenant de nombreuses caractéristiques, il peut être difficile d'identifier celles qui sont les plus pertinentes pour le modèle. Par conséquent, l'élimination des caractéristiques non pertinentes et redondantes permet d'améliorer la performance globale des modèles d'AA (Liu et al., 2005).

Trois approches de sélection de caractéristiques sont couramment utilisées dans la littérature :

1. **Méthodes de filtre** : Ces méthodes sélectionnent les caractéristiques en fonction de leur corrélation avec la variable cible.
2. **Méthodes d'enveloppe** : Ces méthodes utilisent des modèles prédictifs pour évaluer l'utilité des sous-ensembles de variables.
3. **Méthodes intégrées** : Ces méthodes réalisent la sélection de caractéristiques dans le cadre du processus d'apprentissage du modèle (Guyon et al., 2008).

Les caractéristiques sont sélectionnées sur la base de scores de tests statistiques multiples et de corrélations avec la variable cible. Les scores de tests sont fondés sur un coefficient de corrélation qui définit la relation statistique entre les variables. D'autres approches se basent sur le coefficient de corrélation pour le choix des caractéristiques, telles que la corrélation de Pearson, l'analyse

discriminante linéaire (LDA), l'analyse de la variance (ANOVA) et l'approche du chi-carré (Fisher, 1970).

L'apprentissage automatique a été largement exploité dans la littérature pour la prédiction des maladies cognitives (Bratić et al., 2018). Par exemple, un modèle de classification par ensemble a été proposé pour identifier les patients à risque élevé ou faible de développer la maladie d'Alzheimer (You et al., 2019). La précision de classification rapportée était de 94,7 % lorsque le modèle était entraîné uniquement sur des caractéristiques paralinguistiques. Toutefois, une augmentation de 2,5 % (pour atteindre une précision de 97,2 %) a été observée lorsque les caractéristiques paralinguistiques ont été combinées avec celles de mémoire épisodique.

Grassi et al. (2019) ont développé un ensemble de 13 modèles d'AA pour prédire la conversion du trouble cognitif léger (TCL) en maladie d'Alzheimer. Cet ensemble a atteint une aire sous la courbe (AUC) de 0,88 %, avec une spécificité de 79,9 % et une sensibilité de 77,7 %. D'autres approches pour le diagnostic de la maladie d'Alzheimer incluent un système d'apprentissage et de fusion de caractéristiques en trois étapes, ainsi qu'une méthode de pondération des caractéristiques basée sur le voisinage, appelée Sélection de Caractéristiques Composantes (NCFS) (Yang et al., 2012 ; Zhou et al., 2019). Cette méthode utilise un vecteur de pondération des caractéristiques pour maximiser la précision de la classification et a été rapportée comme surpassant d'autres techniques de référence (Yang et al., 2012).

D'autres recherches se sont concentrées sur les neuroimageries et les caractéristiques cognitives pour prédire la maladie d'Alzheimer (Ford et al., 2019 ; Gill et al., 2020). Dix-huit caractéristiques cognitives ont été proposées pour la prédiction de la maladie d'Alzheimer, avec des résultats rapportant une AUC de 0,74 (Ford et al., 2019). Les caractéristiques cognitives et de neuroimagerie sont ciblées pour prédire la maladie d'Alzheimer (Gill et al., 2020). Dans cette étude, seules quatre caractéristiques cognitives ont été utilisées, atteignant une précision de 81,8 % et une AUC de 0,79 en se basant uniquement sur les caractéristiques cognitives. Lors de l'utilisation exclusive des caractéristiques de neuroimagerie, la performance du modèle a rapporté une précision de 75,7 % et une AUC de 0,77 (Gill et al., 2020).

2.3.1 Aperçu de l'Apprentissage Automatique

L'apprentissage automatique est une branche de l'intelligence artificielle qui permet aux ordinateurs d'apprendre et de s'améliorer par l'expérience sans être explicitement programmés. Le principe fondamental de l'apprentissage automatique repose sur le développement d'algorithmes capables d'analyser et d'apprendre à partir de données, d'identifier des motifs et de faire des prédictions ou des décisions basées sur cet apprentissage.

2.3.2 Application de l'Apprentissage Automatique dans la Détection de la Maladie d'Alzheimer

Les techniques d'apprentissage automatique sont de plus en plus couramment utilisées dans la littérature pour la prédition précoce de la maladie d'Alzheimer. Les modèles d'apprentissage automatique suivent une série d'étapes pour identifier, former et tester des algorithmes afin de déterminer les caractéristiques d'intérêt pour un ensemble de données donné. Les caractéristiques extraites jouent un rôle crucial dans la performance des modèles prédictifs pour la démence.

2.3.2.1 Sélection des Caractéristiques en Apprentissage Automatique

Le processus de sélection des caractéristiques appropriées à partir d'un ensemble de données pour entraîner le modèle est connu sous le nom de sélection de caractéristiques, qui est vital pour le nettoyage des ensembles de données (Tang et al., 2014). Dans les ensembles de données comportant de nombreuses caractéristiques, identifier celles qui sont les plus pertinentes pour le modèle peut constituer un défi. Par conséquent, l'élimination des caractéristiques non pertinentes et redondantes améliore la performance globale des modèles d'apprentissage automatique (Liu et al., 2005).

Trois approches courantes de sélection de caractéristiques incluent :

- **Méthodes de filtre** : Elles sélectionnent les caractéristiques en fonction de leur corrélation avec la variable cible.
- **Méthodes d'enveloppe** : Elles utilisent des modèles prédictifs pour évaluer l'utilité des sous-ensembles de variables.

- **Méthodes intégrées** : Elles réalisent la sélection de caractéristiques dans le cadre du processus d'apprentissage du modèle (Guyon et al., 2008).

2.3.3 Avancées Récentes en Apprentissage Automatique pour la Détection de la Maladie d'Alzheimer

Des études récentes ont rapporté diverses approches utilisant l'apprentissage automatique pour diagnostiquer la maladie d'Alzheimer. Par exemple, Bratić et al. (2018) ont mis en lumière l'utilisation extensive de l'apprentissage automatique dans la prédiction des maladies cognitives. You et al. (2019) ont proposé un modèle de classification pour identifier les patients à haut et bas risque de maladie d'Alzheimer, atteignant une précision de classification de 94,7 % en utilisant uniquement des caractéristiques paralinguistiques. En combinant des caractéristiques paralinguistiques et de mémoire épisodique, la précision du modèle a été améliorée à 97,2 %.

Grassi et al. (2019) ont développé un ensemble de 13 modèles d'apprentissage automatique pour prédire la conversion du trouble cognitif léger en maladie d'Alzheimer. Cet ensemble a atteint une aire sous la courbe (AUC) de 0,88, avec une spécificité de 79,9 % et une sensibilité de 77,7 %. D'autres approches incluent un système d'apprentissage en trois étapes et une méthode de pondération des caractéristiques basée sur le voisinage, connue sous le nom de Sélection de Caractéristiques Composantes (NCFS), qui a démontré une performance supérieure par rapport à d'autres techniques de référence (Yang et al., 2012 ; Zhou et al., 2019).

2.4 Apprentissage profond (DL)

La détection précoce de la maladie d'Alzheimer (AD) a été recherchée depuis longtemps à l'aide des approches classiques de traitement d'image (Hinrichs et al., 2009; Terry, 2006) ainsi que des méthodes de ML (L. Sharma et al., 2022) et des modèles de d'apprentissage profond(DL) les plus avancés (Arafa et al., 2022; Ebrahimighahnaveh et al., 2020). Les approches classiques se concentrent sur la détection de la maladie du côté des protéines, ce qui limite la détection de l'AD avec une grande confiance (Terry, 2006). D'autre part, les méthodes d'apprentissage automatique sont des moyens automatisés de détecter l'AD avec une confiance et une probabilité aussi élevée que possible (Moradi et al., 2015). Un flux de travail simple pour la détection de toute maladie,

en particulier l'AD, consiste en i) acquisition de données, ii) prétraitement des données, iii) sélection ou réduction des caractéristiques, iv) sélection du modèle, v) entraînement, vi) validation, vii) test, et viii) évaluation. Les algorithmes traditionnels d'apprentissage automatique reposent sur les informations recueillies à partir des données plutôt que sur leur application aux données brutes, ce qui nécessite beaucoup de travail et une connaissance approfondie du domaine (Rathore et al., 2017). La sélection des caractéristiques et des informations des données a un impact significatif sur la précision, la sensibilité et la spécificité du cadre de classification, entre autres aspects. De plus, le nombre de paramètres dans les méthodes d'apprentissage automatique est beaucoup plus élevé et les données de neuro imagerie d'un seul sujet ont des millions de dimensions. Les approches basées sur le l'apprentissage profond, en revanche, prennent leurs repères directement à partir des données d'entrée. La sélection manuelle des caractéristiques dans le ML est surmontée par la sélection automatisée et basée sur l'apprentissage avec le DL. Les méthodes d'apprentissage profond ont plusieurs couches qui peuvent automatiser le processus d'extraction des caractéristiques en apprenant à transformer les données brutes en une représentation plus composite à chaque couche de manière subséquente (Ebrahimighahnaveh et al., 2020).

L'apprentissage profond caractérise les méthodologies les plus innovantes, telles que les réseaux de neurones convolutionnels (RNC) (Ebrahimi et al., 2021), les réseaux de neurones récurrents (RNR) (Cui et al., 2019), les autoencodeurs empilés (AE) (Vincent et al., 2010) et les les réseaux de croyances profondes (RCD) (Hinton, 2009). Ces méthodologies transforment les caractéristiques de bas niveau disponibles dans les données pour construire une représentation abstraite de haut niveau des systèmes d'apprentissage (Vincent et al., 2010). Une méthode basée sur la transformée en ondelettes complexes à double arbre dans (N. Sharma et al., 2018) extrait des caractéristiques de l'entrée, suivie d'une classification avec un réseau de neurones feedforward (FDNN). Le RNC est un réseau de neurones artificiels (RNA) profond à plusieurs couches composées de couches de convolution, permettant à un modèle d'extraire des cartes de caractéristiques apprises à partir du produit des entrées et des noyaux, détectant ainsi les motifs. De plus, les RNCs ont montré une grande précision dans la classification des caractéristiques (Farooq et al., n.d.; Haarburger et al., n.d.; Khagi & Kwon, 2020). Il existe deux types

d'architectures RNC pour la classification de l'AD, y compris les RNC 2D et 3D. Certaines études se sont également concentrées sur les modèles pré-entraînés basés sur l'apprentissage par transfert pour détecter la maladie, y compris les architectures VGG (Mehmood et al., 2021). Les auteurs ont utilisé VGG-16 pour classer avec précision les tranches d'IRM cérébrale en CN, MCI et AD sous forme binaire. La précision maximale rapportée est pour AD vs CN qui est de 98%. De même, AlexNet est utilisé avec l'apprentissage par transfert pour détecter la maladie chez des sujets sains avec une précision de 95% (H. Acharya, 2021). Ces modèles sont limités aux formes et tailles pré-entraînées des modèles utilisés alors que la taille et la structure des données de neuro imagerie peuvent varier d'une personne à l'autre.

La plupart des architectures RNC disponibles sont en 2D. Dans les applications de segmentation afin de discriminer, les RNC surpassent d'autres méthodologies telles que les SVM et la régression logistique qui montrent moins de capacités d'extraction de caractéristiques intrinsèques (Deepak & Ameer, 2021). Les systèmes de diagnostic assisté par ordinateur (DAC) construits sur les RNC ont montré du succès dans la détection des maladies neurodégénératives (Shakarami et al., 2020). Les architectures RNC 2D, y compris ResNet et GoogleNet, ont réussi à discriminer fortement la santé de l'AD et du MCI (Farooq et al., n.d.). ResNet-152 a obtenu des caractéristiques très discriminantes pour détecter la progression des stades (AD, MCI et CN) en utilisant les données de neuro imagerie de l'ADNI. Un autre réseau profond appelé LeNet-5, une architecture CNN proposée par (Ebrahimi et al., 2021), discrimine l'AD du cerveau NC. L'étude de (Ebrahimighahnaveh et al., 2020) a utilisé l'apprentissage par transfert et l'architecture pré-entraînée VGG-16 pour la classification multiclass de l'AD, du MCI et du CN. L'étude de (Odusami et al., 2021) a mis en œuvre le 3D-ResNet-18 avec augmentation de données Resnet-18 pour l'extraction de caractéristiques afin de classer avec précision les stades de l'AD. L'architecture ResNet-18 est modifiée dans (Odusami et al., 2021) pour la classification binaire de l'AD, c'est-à-dire CN vs. AD, CN vs. MCI, AD vs. MCI, CN vs. MCI. Le schéma d'apprentissage par transfert est utilisé dans (Prakash et al., 2021) pour la classification en trois classes (AD, CN, MCI) des images MRI, mis en œuvre dans trois CNN pré-entraînés, y compris ResNet-18, ResNet-50 et ResNet-101, respectivement. Une autre architecture 2D-CNN dans (Yadav & Miyapuram, n.d.) utilise ResNet-50 avec différentes activations et normalisation par

lots pour classer les tranches de cerveau en NC, MCI et AD. Le SegNet est proposé dans (Buvaneswari & Gayathri, 2021) pour extraire les caractéristiques locales morphologiques du cerveau afin de classer les stades de l'AD. Resnet-101 a exécuté la classification AD, MCI et CN. Toutes les études ci-dessus se sont concentrées sur les architectures 2D des modèles CNN. Un inconvénient majeur des RNC 2D est qu'ils ne sont pas capables de détecter le flux des changements structurels dans les données de neuro imagerie.

D'autre part, une architecture 3D-RNC a développé un classificateur pour discriminer les CN et AD en utilisant des images IRM cérébrales(Khagi & Kwon, 2020). De même, un autre 3D-RNC adaptatif profondément supervisé dans (Huang et al., 2021) a prédit l'AD en empilant des autoencodeurs convolutionnels 3D sans enlever la structure du crâne. En utilisant le jeu de données ADNI, une fusion probabiliste de CNNs dans a utilisé DenseNet pour détecter les stades de l'AD pour la détection des changements fonctionnels dans les données de neuro imagerie. Le 3D Net-121 avec un taux de dropout de 70% a détecté les stades de l'AD. Pour la prédiction de l'AD et du MCI, un ensemble de RNC 3D densément connectés est suggéré dans pour améliorer l'utilisation des caractéristiques extraites. Les topologies RNC pour la classification binaire (AD/MCI ou MCI/CN). Il y a très peu de recherches qui se sont concentrées sur les architectures 3D RNSC.

Il est observé dans la littérature que les chercheurs se sont concentrés soit sur des RNC 2D profonds, soit sur des RNC 3D. De plus, l'apprentissage par transfert est utilisé pour les architectures RNC 2D afin d'améliorer la performance de la prédiction et d'éviter le surapprentissage des modèles respectifs. L'apprentissage par transfert a une limitation des dimensions inchangeables des données d'entrée et des couches cachées qui pourraient ne pas convenir à tous les cas. De même, les architectures RNC 2D ne sont pas capables de détecter les changements temporels dans les structures des données de neuro imagerie. Les RNC 3D sont bons pour détecter les changements structurels temporels ainsi que spatiaux dans les données IRM, mais ces modèles ont une précision de classification limitée en raison des dimensions élevées et denses des données. Dans cette recherche, une méthode efficace de sélection de trames et de réduction des dimensions basée sur le recadrage est proposée. Les dimensions d'entrée réduites ont l'avantage d'éviter le surapprentissage et le sous-apprentissage du modèle (Han &

Catanzaro, 2017). De plus, des architectures 3D et 2D sparses sont proposées dans cette étude, plutôt que d'utiliser des modèles CNN profonds prédéfinis pour améliorer les résultats de détection des trois stades de la maladie, c'est-à-dire CN, MCI et AD.

2.5 Apprentissage machine quantique (QML)

L'informatique quantique est un domaine en pleine expansion qui possède un immense potentiel pour révolutionner divers, secteurs, y compris les soins de santé et le diagnostic médical. Au cœur de l'informatique quantique se trouvent les principes de la mécanique quantique, tels que la superposition, l'intrication et le tunnel quantique, qui permettent d'effectuer des calculs de manière fondamentalement différente des ordinateurs classiques (Nielsen & Chuang, 2010). Contrairement aux bits classiques, qui peuvent exister soit dans l'état 0 soit dans l'état 1, les bits quantiques (qubits) peuvent exister dans une superposition de ces états, leur permettant de représenter et de traiter l'information de manière plus efficace et parallèle (Schuld & Killoran, 2019). Cette propriété unique des qubits, combinée à la capacité de les manipuler à l'aide de portes et de circuits quantiques, constitue la base de l'informatique quantique et de ses applications potentielles. De plus, le phénomène de l'intrication quantique, où l'état d'un qubit est inextricablement lié à l'état d'un autre, permet aux ordinateurs quantiques d'effectuer des tâches considérées comme inaccessibles pour les ordinateurs classiques.

(Shahwar et al., 2022) se sont concentrés sur l'amélioration de la précision de classification des troubles cérébraux à l'aide des données IRMen intégrant l'informatique quantique aux réseaux neuronaux profonds. La méthode proposée exploite le modèle classique AlexNet pré-entraîné pour extraire des vecteurs de caractéristiques, qui sont ensuite traités par un circuit variationnel quantique (VQC). Ce modèle hybride vise à améliorer l'efficacité et la précision du diagnostic des maladies neuro dégénératives telles que la maladie de Parkinson (PD) et la maladie d'Alzheimer. La méthode implique six couches de profondeur quantique et utilise diverses portes quantiques, y compris les portes Hadamard et CNOT, pour transformer les vecteurs de caractéristiques pour les tâches de classification binaire. Malgré des résultats prometteurs, l'étude reconnaît le besoin de ressources informatiques élevées en raison de la complexité des circuits quantiques et des grands ensembles de données impliqués. De plus, bien que le modèle hybride surpassé les modèles

classiques en termes de précision, la vitesse d'entraînement reste un domaine à améliorer. Les recherches futures pourraient se concentrer sur l'optimisation des circuits quantiques et l'exploration de moyens plus efficaces de traiter les données à grande échelle, en intégrant potentiellement du matériel quantique avancé pour améliorer encore les performances.

(Hcini et al., 2024) ont mené une revue complète sur l'application des techniques d'apprentissage profond (DL), en particulier les réseaux neuronaux convolutionnels (CNN) et les transformers de vision (ViT), pour la détection précoce et la prise de décision dans l'AD. La revue souligne l'importance du diagnostic précoce pour une intervention efficace et discute de la manière dont les modèles de 'apprentissage profond' peuvent améliorer la classification de l'AD à l'aide des données d'imagerie cérébrale. En comparant les forces et les limitations des CNN et des ViT, les auteurs fournissent une analyse détaillée des avancées récentes de ces modèles, de leurs méthodes d'entraînement et de leurs mesures de performance. La méthodologie impliquait une enquête approfondie des bases de données scientifiques et se concentrait sur des études appliquant des techniques d'apprentissage profond au diagnostic de l'AD en utilisant les ensembles de données ADNI et OASIS. Malgré des résultats prometteurs, la revue souligne des défis tels que la qualité des données, l'interprétabilité des prédictions des modèles et les implications éthiques de l'utilisation de l'IA dans le diagnostic médical. Les recherches futures devraient se concentrer sur l'amélioration de la généralisabilité des modèles, l'intégration de l'IA avec d'autres outils diagnostiques et l'exploration de nouveaux biomarqueurs pour améliorer la détection précoce et le traitement de l'AD.

(Cappiello & Caruso, 2024) ont évalué le potentiel du ML quantique (QML) pour la détection précoce de l'AD par l'analyse de l'écriture manuscrite. L'étude a utilisé l'ensemble de données DARWIN, comprenant des échantillons d'écriture manuscrite de personnes atteintes d'AD et de témoins sains, en comparant les méthodes classiques et quantiques de classification par vecteur de support (SVC). La méthodologie impliquait le codage des caractéristiques à l'aide de FeatureMap et la conception de circuits quantiques paramétrés avec divers nombres de qubits pour encoder les données en états quantiques. Les résultats ont montré que les méthodes de SVC quantique surpassaient généralement leurs homologues classiques, le PQC à 8 qubits atteignant une précision moyenne de 88,51%. Cependant, les limitations incluaient des coûts informatiques

élevés, la nécessité d'un prétraitement extensif tel que l'analyse en composantes principales (PCA) pour réduire la dimensionnalité des données, et des impacts significatifs sur les performances en raison du bruit dans les circuits quantiques. L'étude suggère des recherches futures pour optimiser les circuits quantiques, explorer d'autres algorithmes quantiques et améliorer le matériel quantique pour améliorer la détection précoce de l'AD.

(Akpinar, 2024) ont étudié l'application d'apprentissage machine quantique (QML) pour la détection précoce de l'AD par l'analyse de l'écriture manuscrite. L'étude s'est concentrée sur la comparaison des performances des méthodes classiques et quantiques de classification par vecteur de support (SVC) pour distinguer les patients atteints d'AD des témoins sains en utilisant l'ensemble de données DARWIN. Le SVC classique utilisait des noyaux de fonction de base radiale (RBF), linéaires et sigmoïdes, tandis que le SVC quantique employait des circuits quantiques paramétrés avec 6, 8 et 12 qubits. Le SVC quantique a atteint une précision moyenne de 88,51%, surpassant les méthodes classiques. L'étude a noté des limitations telles que le coût informatique élevé, le prétraitement extensif requis pour s'adapter aux ordinateurs quantiques, et l'impact du bruit sur les circuits quantiques. Les recherches futures devraient viser à optimiser les circuits quantiques et à explorer d'autres algorithmes quantiques pour améliorer la détection précoce de l'AD.

(Akpinar, 2024) ont exploré l'utilisation précoce de QML pour les tâches cognitives liées à l'AD. L'étude a utilisé un classificateur quantique variationnel (VQC) qui combine des techniques de prétraitement classiques avec le mapping de caractéristiques quantiques et un circuit quantique paramétré pour la classification. Le modèle a utilisé l'ensemble de données DARWIN, atteignant une précision de classification de 0,75. Malgré des résultats prometteurs, l'étude souligne les limitations des ordinateurs quantiques actuels de taille intermédiaire bruyante (NISQ) et la nécessité de recherches supplémentaires pour améliorer la robustesse et l'applicabilité du modèle.

(Khan et al., 2022) ont développé un modèle de réseau neuronal dense profond empilé (SDDNN) pour prédire l'AD en utilisant des données de transcription audio d'entretiens cliniques. L'étude a utilisé l'ensemble de données DementiaBank, contenant des transcriptions d'entretiens avec des patients atteints d'Alzheimer et des témoins. Les auteurs ont conçu un modèle hybride combinant

des réseaux de neurones convolutionnels (CNN) et des réseaux de mémoire à long terme bidirectionnels (LSTM), intégrés dans le modèle SDDNN. Cette approche visait à améliorer la précision de la classification et la détection précoce en analysant les schémas linguistiques dans les transcriptions audio. La méthodologie impliquait un prétraitement extensif, l'extraction de caractéristiques à l'aide d'embeddingsGlove et aléatoirement initialisés, et un ajustement des hyper paramétrés avec GridSearch. Le modèle SDDNN a atteint la précision la plus élevée de 93,31% avec les embeddingsGlove. Cependant, l'étude a noté des limitations, notamment la représentativité de l'ensemble de données, le prétraitement extensif et les exigences computationnelles. Les recherches futures devraient se concentrer sur l'amélioration de la scalabilité du modèle, l'exploration d'autres embeddings et la validation sur des ensembles de données plus larges et diversifiés pour améliorer la généralisabilité et la robustesse.

2.6 Analyse comparative

L'analyse comparative des modèles classiques d'apprentissage machine (ML), d'apprentissage profond (DL) et d'apprentissage machine quantique (QML) pour la détection de la maladie d'Alzheimer (AD) a révélé des résultats clés concernant leurs précisions respectives (Akpinar, 2024). Les modèles classiques de ML, tels que les machines à vecteurs de support (SVM) et les arbres de décision, ont démontré une précision raisonnablement élevée dans les tâches de classification de l'AD, atteignant souvent des niveaux de précision de l'ordre de 80% à 90% (Hcini et al., 2024; Jdey et al., 2023). Ces modèles ont l'avantage d'être relativement interprétables, ce qui facilite leur acceptation et leur intégration dans les milieux cliniques. Cependant, leur performance peut être limitée par leur capacité à capturer des motifs complexes et non linéaires dans les données (Ahmadi et al., 2021; Cappiello & Caruso, 2024). Une étude de Zhao et al. a fourni un résumé complet de la performance en termes de précision de ces approches, constatant que les modèles de DL, tels que les réseaux de neurones convolutionnels(CNN) et récurrents (RNN), surpassaient généralement les modèles classiques de ML en termes de précision globale de classification . Cela a été attribué aux capacités supérieures d'extraction et de représentation des caractéristiques des architectures de DL, qui leur

permettaient de capturer plus efficacement les motifs complexes et non linéaires dans les données de neuroimagerie (Zhao et al., 2024).

Les modèles de DL ont montré des performances impressionnantes dans la détection de l'AD, certaines études rapportant des niveaux de précision dépassant 95% (Amini et al., 2021; Gharaibeh et al., 2023). La capacité des modèles de DL à extraire automatiquement les caractéristiques pertinentes des données brutes, telles que les scans IRM ou PET, et à apprendre des représentations complexes et hiérarchiques a été un facteur clé de leur performance supérieure. Cependant, la nature de boîte noire de nombreuses architectures de DL peut les rendre moins interprétables, ce qui peut entraver leur adoption clinique (Hcini et al., 2024; Jdey et al., 2023). Une méta-analyse de Wang et al. a révélé que les modèles basés sur le QML, lorsqu'ils sont correctement conçus et optimisés, pouvaient atteindre une précision de classification encore plus élevée par rapport aux approches classiques de ML et de DL. Les avantages uniques du QML, tels que sa capacité à gérer efficacement les données de haute dimension, à exploiter les phénomènes au niveau quantique et à tirer parti des algorithmes d'optimisation inspirés du quantique, ont été notés comme des facteurs clés contribuant à une performance supérieure. De plus, la précision des modèles QML était plus cohérente et stable à travers différents ensembles de données et métriques d'évaluation (Wang et al., 2024).

Les approches de QML ont démontré des résultats prometteurs dans la détection de l'AD, certaines études rapportant des niveaux de précision comparables ou même supérieurs à ceux des modèles classiques de ML et de DL (Akpinar, 2024). Les propriétés uniques de l'informatique quantique, telles que la superposition et l'intrication, peuvent permettre aux modèles QML d'apprendre des représentations plus efficaces et généralisables des données sous-jacentes, conduisant potentiellement à une performance et une robustesse améliorée (Hcini et al., 2024; Jdey et al., 2023). Cependant, la mise en œuvre pratique du QML pour la détection de l'AD est actuellement limitée par les contraintes du matériel quantique existant et la complexité du développement d'algorithmes quantiques efficaces (Ahmadi et al., 2021; Cappiello & Caruso, 2024). Les résultats ont indiqué que les modèles basés sur le QML ont démontré la plus grande précision prédictive, en particulier dans l'identification de la conversion du trouble cognitif léger (MCI) à l'AD. Cela a été attribué à la capacité des modèles quantiques à capturer efficacement les

changements complexes et dépendants du temps dans les données de neuroimagerie et à modéliser les trajectoires de la maladie non linéaires (Singh et al., 2023).

2.7 Différenciation entre les modèles classiques et quantiques:

Les modèles classiques d'apprentissage automatique, tels que les réseaux de neurones convolutifs (CNN) et les machines à vecteurs de support (SVM), fonctionnent sur une logique binaire, utilisant des bits qui peuvent représenter soit 0 soit 1. Ces modèles traitent les données de manière linéaire et, bien qu'ils puissent gérer des tâches complexes, leurs performances sont limitées par la nature linéaire des calculs classiques.

Les modèles d'apprentissage automatique quantique (QML), tels que les réseaux de neurones convolutifs quantiques (QCNN) et les machines à vecteurs de support quantiques (QSVM), exploitent les principes de la mécanique quantique, notamment la superposition et l'intrication. La superposition permet aux qubits (bits quantiques) d'exister dans plusieurs états simultanément, facilitant le traitement parallèle de l'information. L'intrication crée des corrélations complexes entre les qubits, permettant aux modèles quantiques de capturer plus efficacement des schémas complexes dans les données que leurs homologues classiques. Cela permet aux modèles quantiques de traiter et de représenter des schémas de données complexes de manière plus efficiente, les rendant potentiellement supérieurs pour des tâches telles que la détection de la maladie d'Alzheimer (MA), où des schémas subtils doivent être identifiés à partir de données à haute dimensionnalité.

La principale différence entre les modèles classiques et quantiques, explorée dans cette thèse, réside dans leur cadre computationnel. Alors que les modèles classiques reposent sur un traitement séquentiel des données, les modèles quantiques exploitent les états quantiques pour un traitement parallèle, conduisant à des prédictions plus rapides et potentiellement plus précises. L'analyse comparative menée dans cette étude vise à mettre en lumière ces distinctions, en se concentrant sur l'efficacité et l'efficience des modèles quantiques améliorés dans la détection de la MA.

CHAPITRE 3 MÉTHODOLOGIE

3.1 Ensemble de données pour le d'apprentissage automatique (ML)

Le jeu de données utilisé dans cette recherche est fourni par <<The Alzheimer's Disease Prediction of Longitudinal Evolution>>(TADPOLE). Cette recherche a fusionné des données de toutes les phases de <<The Alzheimer's Disease Neuroimaging Initiative >>(ADNI)[75], [76], d'où le nom de jeu de données ADNIMERGE. Il contient à la fois des scores de tests cognitifs et des valeurs de mesures de neuro imagerie pour 13892 enregistrements appartenant à 2132 patients. De nombreux patients ont visité la clinique plusieurs fois. Ainsi, chaque visite a été ajoutée au jeu de données comme un nouvel enregistrement, étant donné que le score de test cognitif du patient variait pour chacune des visites. Le jeu de données contient 4911 enregistrements <<Cognitive en Normal>> (CN) et 8981 enregistrements relatifs au diagnostic de l'AD.

3.1.1 Prétraitement des données

Une méthode de prétraitement a été mise en œuvre pour nettoyer les données bruyantes avec des valeurs manquantes afin de garantir que le modèle ne soit pas surajusté. Cela a été réalisé selon les étapes suivantes:

- **Gestion des valeurs manquantes**

Chaque enregistrement du jeu de données ADNIMERGE comporte 113 caractéristiques, dont plusieurs contenaient des valeurs manquantes. Les caractéristiques ayant plus de 40% de valeurs manquantes ont été supprimées, et les valeurs manquantes restantes ont été remplies en utilisant l'Imputer Itératif. Cette méthode impute les valeurs manquantes de chaque caractéristique à partir de toutes les autres caractéristiques de manière circulaire.

- **Normalisation des données**

Le jeu de données ADNIMERGE présentait une gamme diversifiée de valeurs dans une variété de caractéristiques. Ainsi, ce jeu de données a été normalisé entre 0 et 1 en utilisant la technique

MinMax(Serra-Sosa et al., 2021). L'équation (1) présente la formulemathématiqueutiliséepour la normalisation du jeu de données,

$$z_i = \frac{x_i - \min(x)}{\max(x) - \min(x)} , \quad (1)$$

où x désigne les données d'entrée et z désigne les données normalisées, \min et \max sont les valeurs minimale et maximale.

- **L'approche de sélection des fonctionnalités**

La suppression des caractéristiques redondantes et non pertinentes d'un jeu de données améliore la performance du modèle, car l'utilisation de caractéristiques non pertinentes peut entraîner un surajustement ou un sous-ajustement du modèle. Les méthodes de sélection de caractéristiques par filtrage et intégrées ont été adoptées (Tang et al., 2014). De plus, cette recherche a également exploré et investigué les avantages de la combinaison des approches de sélection de caractéristiques par filtrage et composantes de voisinage.

- **La méthode de filtrage**

En utilisant la méthode de filtrage, une carte thermique de corrélation est générée par le coefficient de corrélation. Il s'agit d'une mesure de la dépendance linéaire entre deux ou plusieurs variables. La matrice de coefficients de corrélation est définie comme la matrice pour chaque combinaison de variables par paires, comme exprimé mathématiquement dans l'équation (2) et l'équation (3):

$$R = \begin{pmatrix} p(A, A) & p(A, B) \\ p(B, A) & p(B, B) \end{pmatrix} ; \quad (2)$$

$$p(A, B) = \frac{\text{Cov}(A, B)}{\sigma_A \sigma_B} . \quad (3)$$

Dans l'équation (3), σ_A désigne la moyenne et l'écart-type, tandis que Cov désigne la fonction de covariance. Le but de l'utilisation de la méthode de filtrage est de définir un seuil et de filtrer uniquement les caractéristiques hautement corrélées du modèle développé. Seules les

caractéristiques ayant un seuil de corrélation avec une valeur absolue supérieure à 0,9 sont filtrées dans ce travail.

3.1.2 Modèles d'apprentissage automatique sélectionnés

La recherche a mis en évidence l'impact des caractéristiques sélectionnées dans la détection précoce de l'AD. Le modèle basé sur le ML repose sur une technique qui améliore les processus de réduction et de sélection des caractéristiques pertinentes. Le processus de combinaison des caractéristiques cognitives et de neuro imagerie a abouti à la formulation de biomarqueurs de la démence. La Figure 3.1 donne un aperçu de la méthodologie en trois étapes utilisées dans cette recherche.

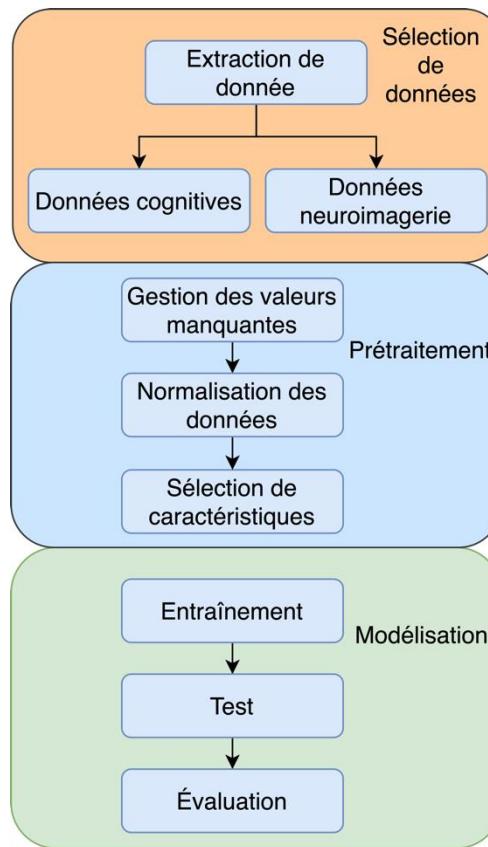


Figure 3.1. Vue d'ensemble de la méthodologie de recherche proposée.

Cette recherche se concentre sur la prédiction de la démence en utilisant les mesures de neuro imagerie ainsi que les scores cognitifs qui sont considérés comme des caractéristiques sensibles

[26]. Pour la prédiction plus précisément de la démence, un ensemble diversifié d'algorithmes de ML a été sélectionné en fonction de leur compatibilité avec nos données et leur efficacité reconnue dans les tâches de diagnostic médical. Ces algorithmes incluent :

1. SVM (Support Vector Machine), choisi pour son adéquation avec les données de haute dimension et à définir des frontières de décision nettes, même avec des classes qui se chevauchent, en utilisant des fonctions noyaux adaptées aux séparations non linéaires.
2. ANN (Artificial Neural Network), un algorithme avancé optimisé et paramétré pour un grand nombre de caractéristiques et pour capturer des relations complexes et non linéaires, particulièrement adapté aux données de neuro imagerie à haute dimension et aux interactions complexes.
3. NB (Naïve Bayes), un modèle probabiliste, idéale pour les petits ensembles de données en raison de son hypothèse d'indépendance des caractéristiques, offrant une approche computationnelle efficiente et souvent utilisé comme modèle de référence pour sa simplicité.
4. AdBE (AdaBoost Ensemble), une méthode par ensemble qui améliore les arbres de décision en mettant l'accent sur les corrections des itérations précédentes. Il a été sélectionné pour sa capacité à améliorer les performances des classificateurs faibles en les combinant en un classificateur plus puissant, particulièrement efficace pour les jeux de données mixtes, incluant des caractéristiques cognitives et de neuro imagerie.

Ces algorithmes ont été évalués après des expériences préliminaires qui ont montré leur bon rendement, offrant un mélange d'interprétabilité, de robustesse et d'efficacité computationnelle. L'objectif de cette étude est de réaliser une évaluation comparative de ces modèles, en mettant en lumière leurs forces et leurs limites dans le contexte de la détection de la maladie d'Alzheimer (MA). Une "évaluation complète" a été réalisée, incluant la comparaison des versions classiques et améliorées par des méthodes quantiques de ces modèles, en s'appuyant sur des métriques telles que la précision, le rappel, le F1-score et la justesse.

3.1.1.1 <<AdaBoost Ensemble>> en informatique quantique

AdaBoost, ou boosting adaptatif, est une technique d'apprentissage par ensemble qui améliore la performance des classificateurs faibles en les combinant en un classificateur fort. Elle est réputée pour sa capacité à se concentrer sur les instances difficiles à classifier en ajustant itérativement les poids des exemples mal classifiés. Dans un contexte de calcul quantique, boosting adaptatif peut tirer parti des algorithmes quantiques pour accélérer certains calculs, améliorant potentiellement son efficacité et ses performances. La boosting adaptatif quantum, proposé dans des recherches récentes, explore comment le parallélisme quantique peut être utilisé pour évaluer simultanément plusieurs classificateurs faibles, réduisant ainsi la charge de calcul et accélérant le processus d'entraînement.

Mathématiquement, boosting adaptatif commence par initialiser les poids de tous les échantillons d'entraînement de manière égale. À chaque itération 't,' un classificateur faible ' h_t ' est entraîné, et son taux d'erreur pondéré ' ϵ_t ' est calculé. Le poids du classificateur ' α_t ' est ensuite déterminé par l'équation(4):

$$\alpha_t = \frac{1}{2} \ln \left(\frac{1 - \epsilon_t}{\epsilon_t} \right) \quad (4)$$

Les poids des échantillons d'entraînement sont mis à jour en utilisant;

$$w_i \leftarrow w_i \exp(\alpha_t \cdot I(h_t(x_i) \neq y_i)) \quad (5)$$

où I est la fonction indicatrice. Ces poids sont normalisés pour que leur somme soit égale à 1. Le classificateur fort final est un vote majoritaire pondéré des classificateurs faibles,

$$H(x) = \text{sign} \left(\sum_{t=1}^T \alpha_t h_t(x) \right) \quad (6)$$

Quantum AdaBoost peut améliorer ce processus en utilisant des états quantiques pour représenter les poids et des superpositions pour évaluer plusieurs hypothèses, offrant ainsi des accélérations potentielles dans la phase d'entraînement.

3.1.1.2 << Réseaux de Neurones artificiels >> (ANN) en informatique quantique

Les réseaux de neurones artificiels (ANN) sont des modèles computationnels inspirés des réseaux neuronaux du cerveau humain, conçus pour reconnaître des motifs et résoudre des problèmes complexes. Les ANN sont composés de couches de nœuds interconnectés, ou neurones, qui traitent les données de manière à imiter le fonctionnement du cerveau humain. Dans le domaine de l'informatique quantique, les réseaux de neurones quantiques (QNN) visent à exploiter les principes de la mécanique quantique pour améliorer les capacités des ANN traditionnels. Les QNN utilisent des bits quantiques (qubits) et des portes quantiques pour effectuer des calculs, offrant potentiellement des accélérations exponentielles pour certaines tâches par rapport aux réseaux neuronaux classiques. Dans un ANN traditionnel, la sortie de chaque neurone est calculée comme suit:

$$z_j^{(l)} = \sum_i w_{ij}^{(l)} a_i^{(l-1)} + b_j^{(l)} \quad (7)$$

où $w_{ij}^{(l)}$ sont les poids, $a_i^{(l-1)}$ sont les activations de la couche précédente, et $b_j^{(l)}$ est le terme de biais. La fonction d'activation σ , telle que le sigmoïde, ReLU ou tanh, est appliquée à la somme pondérée.

$$a_j^{(l)} = \sigma(z_j^{(l)}) \quad (8)$$

Pendant l'entraînement, le réseau ajuste ses poids en utilisant la rétropropagation, ce qui implique le calculer du gradient de la fonction de perte par rapport à chaque poids,

$$\frac{\partial L}{\partial w_{ij}^{(l)}} = \delta_j^{(l)} a_i^{(l-1)} \quad (9)$$

Le terme d'erreur $\delta_j^{(l)}$ est propagé en arrière à travers le réseau, permettant la mise à jour des poids en utilisant la descente de gradient,

$$w_{ij}^{(l)} \leftarrow w_{ij}^{(l)} - \eta \frac{\partial L}{\partial w_{ij}^{(l)}} \quad (10)$$

Dans les QNN, les qubits remplacent les bits classiques, permettant au réseau de traiter simultanément une superposition d'états. Les portes quantiques effectuent des opérations sur ces qubits, et l'intrication quantique permet des corrélations complexes entre eux. Le potentiel d'accélération quantique dans l'entraînement et l'inférence pourrait révolutionner les domaines nécessitant des réseaux neuronaux à grande échelle.

3.1.1.3 Machine à vecteurs de support (SVM) en informatique quantique

Les << Support Vector Machine >> (SVM) sont des algorithmes d'apprentissage supervisé utilisés pour la classification, la régression et la détection des valeurs aberrantes. Introduites par Vladimir Vapnik et ses collègues(Cortes & Vapnik, 1995), les SVM sont particulièrement efficaces dans les espaces de haute dimension et pour les tâches de classification binaire. En informatique quantique, les machines à vecteurs de support quantiques (QSVM) exploitent les principes de la mécanique quantique pour obtenir des avantages computationnels significatifs, notamment dans la gestion des données de haute dimension et des fonctions de noyau complexes.

Classiquement, les SVM visent à trouver l'hyperplan optimal qui maximise la marge entre deux classes. La formulation mathématique implique la résolution du problème d'optimisation

$$\min_{w,b} \frac{1}{2} |w|^2; \quad (11)$$

sachant que

$$y_i(w \cdot x_i - b) \geq 1. \quad (12)$$

Ce problème peut être reformulé sous sa forme duale en utilisant les multiplicateurs de Lagrange α_i ;

$$\max_{\alpha} \sum_i \alpha_i - \frac{1}{2} \sum_{i,j} \alpha_i \alpha_j y_i y_j x_i \cdot x_j \quad (13)$$

sous réserve que

$$\sum_i \alpha_i y_i = 0, \quad 0 \leq \alpha_i \leq C. \quad (14)$$

Pour les données non linéaires, les SVM utilisent des fonctions noyau pour projeter les données dans un espace de dimension supérieure. Dans les QSVM, des algorithmes quantiques, tels que l'algorithme de noyau quantique, sont utilisés pour calculer la matrice de noyau de manière exponentiellement plus rapide. La fonction de décision devient.

$$f(x) = \text{sign}\left(\sum_i \alpha_i y_i K(x_i, x_j) + b\right). \quad (15)$$

La capacité de l'informatique quantique à traiter efficacement des vecteurs de haute dimension et à effectuer rapidement des évaluations de noyaux complexes fait des QSVM une avancée prometteuse par rapport à leurs homologues classiques.

3.1.1.4 << Classification bayésien naïf >> en informatique quantique

Le classificateur bayésien naïf est un modèle probabiliste basé sur le théorème de Bayes, supposant que les caractéristiques sont conditionnellement indépendantes, étant donné l'étiquette de classe. Cette simplicité le rend très efficace dans de nombreuses applications pratiques, en particulier dans la classification de textes et la détection de courriers indésirables. L'informatique quantique peut améliorer le classificateur bayésien naïf en exploitant le parallélisme quantique et la superposition, accélérant potentiellement le calcul des probabilités et rendant le modèle plus efficace pour les ensembles de données de grande échelle. Dans un cadre classique, le classificateur calcule la probabilité de chaque classe y , étant donné un vecteur de caractéristiques $X = (x_1, x_2, \dots, x_n)$, en utilisant le théorème de Baye,

$$P(y|X) = \frac{P(X|y)P(y)}{P(X)}. \quad (16)$$

Avec l'hypothèse d'indépendance conditionnelle, cela se simplifie comme

$$P(X|y) = \prod_{i=1}^n P(x_i|y). \quad (17)$$

Ainsi, la probabilité a posteriori devient.

$$P(y|X) \propto P(y) \prod_{i=1}^n P(x_i|y). \quad (18)$$

Pendant l'entraînement, la probabilité a priori $P(y)$ est estimée par la fréquence relative de chaque classe dans l'ensemble d'entraînement, et les probabilités conditionnelles sont estimées en utilisant l'estimation du maximum de vraisemblance.

$$P(x_i|y) = \frac{\text{Nombre d'instances où } x_i \text{ et } y \text{ coïncident}}{\text{Nombre d'instances dans la classe } y}. \quad (19)$$

Pour classifier une nouvelle instance, le classificateur calcule la probabilité a posteriori pour chaque classe et sélectionne la classe avec la probabilité la plus élevée.

$$\hat{y} = \arg \max_y P(y) \prod_{i=1}^n P(x_i|y). \quad (20)$$

Dans un contexte quantique, des algorithmes quantiques peuvent être utilisés pour accélérer le calcul de ces probabilités. La superposition quantique permet l'évaluation simultanée de multiples états de probabilité, ce qui peut conduire à des phases d'entraînement et de prédiction plus rapide. Les classificateurs bayésiens naïfs améliorés par la quantique sont prometteurs pour des applications nécessitant une prise de décision en temps réel et une analyse de données à grande échelle.

3.2 Jeu de données pour le d'apprentissage profond (DL)

Les données <<Magnetic Resonance Imaging>>(MRI) utilisées dans l'étude ont été obtenues à partir de la base de données de l'<<Alzheimer's Disease(Mueller & Beckett, 2005; Weiner et al., 2017). ADNI est un ensemble de données étiquetées avec trois étiquettes différentes, à savoir <<Alzheimer's Disease>> (AD), <<Déficit cognitif léger>>(MCI) et <<Cognitive Normal>> (CN). Ce jeu de données fournit plusieurs visites pour le même patient. Il y a 2182 fichiers NIFTI

(images MRI en vue 3D). Chaque fichier NIFTI contient les vues sagittale, coronale et transverse d'un seul sujet. Il y a plus de 200 images séquencées de chacune des trois vues de l'image Figure 3.2. Les vues initiales sont bruitées et difficiles à traiter. Par conséquent, les parties du cerveau doivent être extraites des MRI pour pouvoir les traiter ultérieurement, ce qui est expliqué dans la section suivante. La distribution des données en fonction du genre et de l'étiquette, ainsi que les statistiques d'âge et le nombre de visites sont : CN: 748, MCI: 981, AD: 453, homme: 1279, femme: 930, âge moyen: 76,23, écart type de l'âge: 6,8 et nombre moyen de visites des sujets: 4,1.

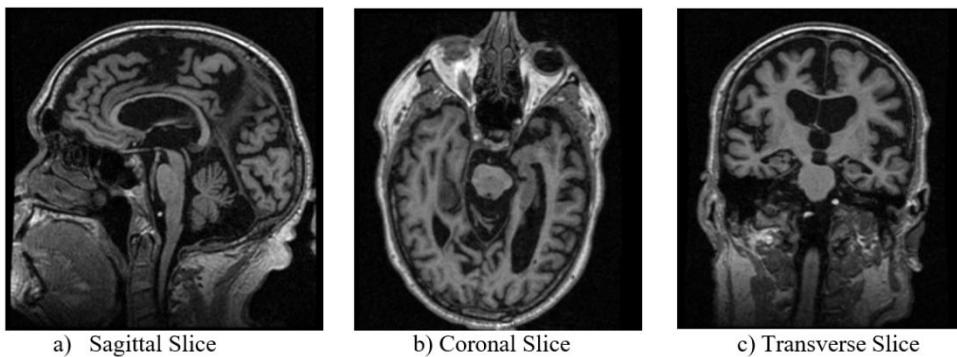


Figure 3.2. Exemples de vues d'images MRI de la base de données ADNI(Irfan et al., 2023)

L'ensemble de données initial comprenait trois classes : la maladie d'Alzheimer (AD), le trouble cognitif léger (MCI) et la normalité cognitive (CN). Cependant, pour les besoins de cette étude, les données ont été transformées en un problème de classification binaire. Cette transformation a été motivée par le besoin clinique de distinguer les individus présentant une forme quelconque de trouble cognitif (AD ou MCI) de ceux qui sont cognitivement normaux (CN). En fusionnant les classes AD et MCI, nous avons cherché à améliorer la robustesse des modèles dans la détection des premiers signes de troubles cognitifs, ce qui est crucial pour une intervention précoce. Cette approche de classification binaire permet une comparaison plus claire des performances des modèles et s'aligne sur les objectifs du diagnostic précoce en milieu clinique.

3.2.1 Prétraitement d'imagerie par résonance magnétique(MRI)

Les données MRI pondérées T1 de l'ADNI au format NIFTI ont été prétraitées en utilisant l'outil CAT12 de la boîte à outils SPM12 (boîte à outils tierce de MATLAB) avec les paramètres par défaut. Le pipeline de prétraitement inclut l'extraction du crâne, la normalisation spatiale et le lissage, de sorte qu'après le prétraitement, toutes les images MRI sont de dimensions $(121 \times 145 \times 121)$, soit $(X \times Y \times Z)$ avec une résolution spatiale de $1.5 \times 1.5 \times 1.5 \text{ mm}^3/\text{voxel}$. De plus, toutes les images MRI sont normalisées en termes d'intensité du signal; chaque valeur de voxel est normalisée. La valeur originale est divisée par la valeur maximale réelle de l'image MRI. Cette normalisation donne des valeurs comprises entre 0 et 1. Les vues résultantes après le pipeline de prétraitement sont illustrées à la Figure 3.3. Les MRI3D $(121 \times 145 \times 121)$, qui représentent le nombre de vues sagittales, coronales et transversales, ont été acquises par redécoupage, soit 145×121 , 121×121 et 121×145 , respectivement. Après le remplissage des bords et le remplissage par zéro, toutes les tranches 2D ont été redimensionnées à (145×145) . Après redimensionnement, chaque tranche 2D a été mise au carré, tandis que la résolution centrale et spatiale de l'image MRI reformatée reste inchangée. Le pipeline complet de prétraitement est expliqué ci-dessous.

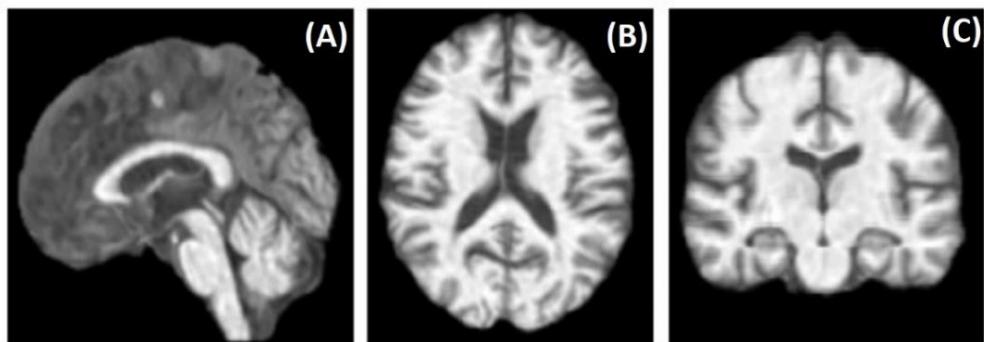


Figure 3.3. Vues MRI prétraitées ; (A) Tranche sagittale, (B) Tranche coronale, et (C) Tranche transversale (Irfan et al., 2023)

3.2.2 Extraction du crâne

L'extraction du crâne est une technique utilisée en imagerie médicale, notamment dans l'analyse des images par résonance magnétique (MRI). C'est une étape préliminaire dans de nombreuses

applications médicales car elle augmente considérablement la vitesse et la précision du diagnostic. Elle permet de supprimer les tissus non cérébraux tels que le crâne, le cuir chevelu et la dure-mère des images cérébrales. La méthode << Adaptive ProbabilityRegion-Growing>> (APRG) est une technique qui affine les cartes de probabilité en utilisant des techniques de croissance régionale (Toennies & D, 2017). Actuellement, cette méthode est celle qui donne les résultats les plus précis et les plus fiables. Cette recherche a retiré le crâne des données MRI en utilisant la méthode APRG.

3.2.3 Normalisation spatiale

La normalisation spatiale est un processus utilisé pour aligner les images cérébrales de différents sujets dans un système de coordonnées commun, permettant ainsi des comparaisons plus précises entre les sujets. Cela implique de déformer les images IRM individuelles afin que les régions anatomiques correspondantes soient alignées, facilitant ainsi l'identification des changements structurels associés à la maladie d'Alzheimer. Des définitions claires de ces termes techniques, ainsi que d'autres, ont été fournies pour améliorer la compréhension de la méthodologie.

Les cerveaux humains diffèrent en taille et en forme, et l'un des objectifs de la normalisation spatiale est de déformer les scans cérébraux humains afin qu'une localisation dans le scan cérébral d'un sujet corresponde à la même localisation dans le scan cérébral d'un autre sujet. Plus précisément, les images de différents sujets doivent être transformées spatialement de manière à ce qu'elles se trouvent toutes dans le même système de coordonnées, avec des régions anatomiquement correspondantes situées à des emplacements similaires.

La normalisation spatiale est une forme spéciale d'enregistrement d'images qui mappe l'image MRI d'un sujet à un espace cérébral de référence pour permettre des comparaisons entre des sujets ayant des morphologies cérébrales variées. Cette recherche a utilisé les enregistrements DARTEL (Ashburner, 2007) sur un modèle existant pour l'enregistrement spatial. De plus, une approche de tir optimisée a été appliquée, utilisant un seuil adaptatif et des résolutions initiales plus basses pour obtenir un bon compromis entre précision et temps de calcul en sélectionnant la première des six images (itérations) d'un modèle DARTEL (Ashburner, 2007).

3.2.4 Le lissage

Le lissage est utilisé pour éliminer les différents bruits des trames MRI. Le filtre gaussien est appliqué aux données MRI pour réduire le bruit. Les images présentées à la Figure 3.3 montrent les trames prétraitées finalisées des trois vues.

3.2.5 Ingénierie des caractéristiques

Après le prétraitement, il y a presque 150 tranches par vue des images MRI. Ce sont des quantités énormes de tranches/images nécessitant d'énormes calculs pour entraîner un modèle CNN. De plus, la redondance des données peut également entraîner un surajustement d'un CNN. Il est nécessaire de réduire le nombre d'image de chaque vue afin de réduire les calculs totaux par MRI. Pour résoudre ce problème, des recherches récentes ont sélectionné aléatoirement 40 tranches sagittales, 50 tranches coronales et 33 tranches transversales, soit au total 123 tranches de l'image 3D du cerveau d'un sujet (D. Pan & Song, 2020). La sélection aléatoire des images n'est pas convaincante car on ne sait pas quelle image contient le plus d'informations. La sélection aléatoire peut entraîner une perte d'informations des données. Notre recherche a sélectionné plusieurs images sur la base d'une analyse statistique. Tout d'abord, plusieurs pixels informatifs sont calculés. Si une tranche a moins qu'une valeur seuil de pixels informatifs, ces tranches sont écartées et les images restantes sont sélectionnées (21),

$$I = 1 - \frac{N_0}{H_I \times W_I} \quad (21)$$

où N_0 est le nombre de zéros dans une image, H_I est la hauteur de l'image, et W_I est la largeur de l'image. Cette étude a sélectionné les 40 images les plus informatives de chaque vue, ce qui donne un total de 120 images par patient. Les images sélectionnées statistiquement ont permis de réduire la complexité computationnelle des MRI. Chaque image contenait des tailles différentes de la région informative.

3.2.6 Les modèles d'apprentissage profond (DL) choisis

3.2.6.1 << Réseau de neurones convolutionnel simple >> (CNN)

Les <<Convolutional Neural Network>> (CNN) sont une classe de réseaux de neurones profonds spécialement conçus pour traiter les données structurées en grille, telles que les images. Ils se sont révélés très efficaces dans les tâches de reconnaissance et de classification d'images en raison de leur capacité à apprendre automatiquement et de manière adaptative les hiérarchies spatiales des caractéristiques via la rétropropagation. Les CNN se composent généralement de plusieurs couches, y compris des couches convolutionnelles, des couches de <<pooling>> et des couches entièrement connectées.

3.2.6.2 Couche convolutionnelle

La couche convolutionnelle est le bloc de construction principal des CNN. Elle se compose d'un ensemble de filtres (ou noyaux) apprenables qui sont convolus à travers les données d'entrée. Pour une image d'entrée I de taille $W \times H \times D$ et un filtre K de taille $f \times f \times D$, la carte de caractéristiques de sortie O est calculée comme

$$O_{i,j,k} = (I * K)_k(i, j) = \sum_{m=0}^{f-1} \sum_{n=0}^{f-1} \sum_{d=0}^{D-1} I_{i+m, j+n, d} K_{m, n, d, k} \quad (22)$$

où $*$ désigne l'opération de convolution et K indexe le filtre.

3.2.6.3 Fonction d'activation

Après la convolution, une fonction d'activation (généralement la ReLU, <<RectifiedLinear Unit>>) est appliquée élément par élément,

$$A_{i,j,k} = \max(0, O_{i,j,k}) \quad (23)$$

Cela introduit de la non linéarité dans le modèle.

3.2.6.4 Couche de <<Pooling>>

Les couches de <<pooling>> réduisent les dimensions spatiales de l'entrée, généralement en utilisant le <<max pooling>> ou l'<<averagep × ppooling>> P <<max pooling>> avec une taille de <<pool>> de $p \times p$, la sortie P est

$$P_{i,j,k} = \max_{0 \leq m < p, 0 \leq n < p} A_{pi+m, pj+n, k} \quad (24)$$

Cette opération aide à réduire le nombre de paramètres et à contrôler le sur-ajustement.

3.2.6.4.1 Couche <<Fully Connected>> (FC)

Après plusieurs couches de convolution et de pooling, le raisonnement de haut niveau est effectué via des couches entièrement connectées. L'entrée de la couche entièrement connectée est aplatie en un vecteur et traitée comme dans un réseau neuronal traditionnel;

$$y = \sigma(Wx + b) \quad (25)$$

où W est la matrice de poids, x est le vecteur d'entrée, b est le vecteur de biais, et σ est une fonction d'activation (par exemple, softmax pour la classification).

3.2.6.4.2 Rétropropagation

Le processus d'entraînement implique la rétropropagation où les gradients de la fonction de perte par rapport aux poids sont calculés en utilisant la règle de dérivation en chaîne, et les poids sont mis à jour en utilisant la descente de gradient ou une variante.

La couche fully connected (FC) est similaire à l'ANN. Sa tâche est d'établir un chemin pour une détection/classification efficace. Un exemple de démonstration des couches convolutionnelles, de <<pooling>> Figure 3.4

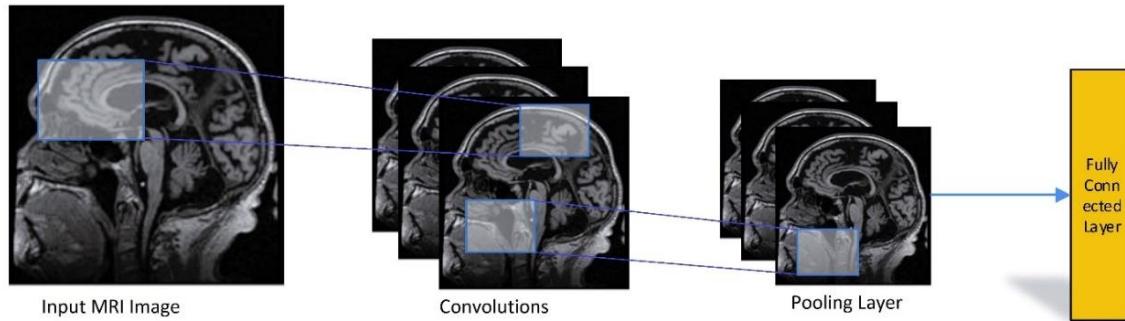


Figure 3.4. Exemple de démonstration des couches convolutionnelles, de pooling et entièrement connectées du modèle CNN(Irfan et al., 2023)

L'image MRI prétraitée a été introduite dans le modèle CNN sous forme de vecteurs pour l'extraction et le mapping des caractéristiques. La couche de <<max-pooling>> apprend des caractéristiques à partir des données d'entraînement pour améliorer l'efficacité du CNN, au lieu de l'extraction manuelle des caractéristiques. Le CNN a été entraîné en appliquant les filtres apprenables et les opérations de convolution, tandis que la distribution locale des poids a considérablement réduit la complexité. Le format pour le CNN avec des données d'entrée 3D est t.y. (Largeur \times Hauteur \times Nombre de images). Les trois vues d'une seule image MRI sont traitées séparément. Pour chaque vue, un CNN individuel est entraîné.

3.2.6.5 << Réseaux de neurones convolutionnels>> (Quantum CNN)

Les réseaux de neurones convolutionnels quantiques (Quantum CNNs) étendent les principes des CNN classiques au domaine de l'informatique quantique. Ils exploitent les bits quantiques (qubits) et les portes quantiques pour effectuer des opérations pouvant offrir des avantages computationnels, tels que le parallélisme et l'intrication, ce qui peut potentiellement accélérer le processus d'apprentissage et améliorer l'efficacité de certains calculs.

3.2.6.6 Représentation des données quantiques

Les données quantiques sont représentées à l'aide d'états quantiques. Une image d'entrée classique doit être encodée dans un état quantique, ce qui peut être fait en utilisant divers schémas d'encodage (par exemple, l'encodage par amplitude, l'encodage par base).

3.2.6.7 Convolution quantique

La convolution quantique peut être réalisée en utilisant des portes quantiques pour effectuer des opérations analogues aux convolutions classiques. Une couche convolutionnelle quantique applique une série de transformations unitaires (portes quantiques) à des zones locales de l'état quantique d'entrée. Pour un état quantique $|\psi'\rangle$, une transformation unitaire U appliquée à un sous-ensemble de qubits se traduit par.

$$|\psi'\rangle = U |\psi\rangle \quad (26)$$

Ces transformations peuvent être conçues pour capturer des caractéristiques locales comme le fait la convolution classique.

3.2.6.8 <<Pooling Quantique>>

Le <<pooling>> quantique réduit la dimension de l'état quantique, similaire au <<pooling>> classique. Cela peut être réalisé en utilisant des mesures partielles ou des portes quantiques qui sélectionnent les composants les plus significatifs. Par exemple, une simple opération de <<pooling>> quantique pourrait impliquer la mesure d'un sous-ensemble de qubits et la conservation des résultats avec les amplitudes de probabilité les plus élevées.

3.2.6.9 Couche fully connected (FC) quantique

Une couche entièrement connectée quantique utilise une transformation unitaire sur l'ensemble de l'état quantique. Cela peut être représenté comme ,

$$|\psi''\rangle = V |\psi'\rangle \quad (27)$$

où V est une matrice unitaire agissant sur l'état quantique $|\psi'\rangle$.

3.2.6.10 Mesure quantique

Après les opérations quantiques, une mesure est effectuée sur l'état quantique pour obtenir des probabilités classiques, qui sont ensuite utilisées pour la classification ou d'autres tâches.

En résumé, bien que les CNN classiques et les CNN quantiques partagent des structures et des objectifs similaires à un niveau élevé, les cadres computationnels sous-jacents et les avantages potentiels diffèrent considérablement en raison de la nature distincte du calcul quantique. Les CNN quantiques ont le potentiel de révolutionner certaines tâches computationnelles en tirant parti des propriétés uniques de la mécanique quantique.

CHAPITRE 4 CONFIGURATION EXPÉRIMENTALE ET RÉSULTATS

Le chapitre 4 présente l'infrastructure expérimentale et analyse les résultats obtenus pour évaluer et comparer les performances des modèles de machine learning classique et quantique dans la détection précoce de la maladie d'Alzheimer.

4.1 Configuration de l'environnement

La méthodologie proposée a été mise en œuvre sur un système d'exploitation Windows 10, en utilisant le langage de programmation Python 3.10 sur un système de bureau Core i7 avec 16 Go de RAM. Tous les modèles de ML et DL classiques et quantiques, à savoir ADB, SVM, ANN, NB et CNN, ont été implémentés en utilisant Python. Les bibliothèques utilisées incluent les suivantes:

1. *TensorFlow* pour les modèles de DL;
2. *Scikit-Learn* pour les modèles de ML;
3. *Pennylane* pour le calcul quantique;
4. *Pandas* pour la gestion des données;
5. *Plotly* and *Matplotlib* pour la visualisation.

4.2 Indicateurs de performance

Les mesures de performance utilisées à des fins d'évaluation et de test incluent la précision, le f1-score, la précision et le rappel présentés respectivement aux pages 27 – 30, en termes de vrai positif (VP), faux positif (FP), faux négatif (FN) et vrai négatif (VN).

$$Accuracy = \frac{VP + VN}{VP + FP + FN + VN} \quad (28)$$

$$F1 - Score = \frac{2 * Precision * Recall}{Precision + Recall} \quad (29)$$

$$Precision = \frac{VP}{VP + FP} \quad (30)$$

$$Recall = \frac{VP}{VP + FN} \quad (31)$$

4.3 Bibliothèques Utilisées

4.3.1 Pandas (import pandas as pd)

- **Rôle :** Pandas est une bibliothèque puissante utilisée pour la manipulation et l'analyse de données. Elle permet de lire, écrire et traiter des ensembles de données sous forme de DataFrames, facilitant la gestion des données structurées.
- **Application :** Manipulation des données, nettoyage des données, préparation des données avant l'entraînement des modèles.

4.3.2 NumPy (import numpy as np)

- **Rôle :** NumPy est une bibliothèque fondamentale pour le calcul scientifique en Python, qui permet de travailler avec des tableaux multidimensionnels et des opérations mathématiques complexes.
- **Application :** Calcul numérique rapide, manipulation de matrices et traitement des données numériques.

4.3.3 Scikit-learn (from sklearn...)

- **Rôle :** Scikit-learn est une bibliothèque complète pour le machine learning en Python. Elle inclut des outils pour la classification, la régression, le clustering, la réduction de dimension, la sélection de modèles et la prétraitement des données.
- **Application :**

- **Prétraitement des données :** Standardisation et normalisation avec StandardScaler et MinMaxScaler.
- **Imputation des valeurs manquantes :** IterativeImputer.
- **Séparation des ensembles de données :** train_test_split.
- **Évaluation des modèles :** accuracy_score, recall_score, precision_score, f1_score, confusion_matrix.
- **Modèles de Machine Learning :** KNeighborsClassifier, GaussianNB, AdaBoostClassifier, MLPClassifier, SVC.
- **Réduction de dimension :** PCA (Analyse en composantes principales).

4.3.4 Matplotlib (import matplotlib.pyplot as plt)

- **Rôle :** Matplotlib est une bibliothèque de visualisation de données en 2D en Python. Elle permet de créer des graphiques statiques, interactifs et animés.
- **Application :** Création de graphiques et de visualisations pour analyser les résultats et les tendances des données.

4.3.5 Plotly (import plotly...)

- **Rôle :** Plotly est une bibliothèque de visualisation interactive qui permet de créer des graphiques dynamiques et visuels complexes.
- **Application :** Création de visualisations interactives, telles que des diagrammes en boîte, des sous-graphiques et des figures composites.

4.3.6 PennyLane (import pennylane as qml)

- **Rôle :** PennyLane est une bibliothèque pour le calcul quantique et l'apprentissage automatique quantique. Elle permet de concevoir, d'entraîner et d'évaluer des modèles de machine learning quantique.
- **Application :** Implémentation de modèles d'apprentissage quantique, optimisation avec NesterovMomentumOptimizer, et manipulation de données quantiques.

4.3.7 Torch (`import torch`)

- **Rôle :** Torch est une bibliothèque open-source pour le calcul scientifique et l'apprentissage profond. Elle permet de travailler avec des tenseurs et de créer des modèles de réseaux de neurones.
- **Application :** Création et entraînement de modèles d'apprentissage automatique basés sur des réseaux de neurones, gestion des ensembles de données avec DataLoader et TensorDataset.

4.3.8 TensorFlow (`import tensorflow as tf`)

- **Rôle :** TensorFlow est une bibliothèque de calcul numérique et d'apprentissage profond. Elle permet de concevoir, d'entraîner et de déployer des modèles de machine learning à grande échelle.
- **Application :** Utilisée en conjonction avec Keras pour créer des modèles de réseaux de neurones complexes, y compris des couches personnalisées pour des architectures spécifiques.

4.3.9 Nibabel (`import nibabel as nib`)

- **Rôle :** Nibabel est une bibliothèque qui permet de lire et de traiter des fichiers d'imagerie médicale, comme les IRM.
- **Application :** Chargement et manipulation des images IRM pour l'analyse et le traitement des données d'imagerie médicale.

4.4 Configurations des modèles d'apprentissage automatique (ML)

Le Tableau 4.1 représente les configurations pour les modèles d'apprentissage automatique classiques et améliorés par la technologie quantique. Pour AdB, 50 apprenants faibles sont utilisés avec un taux d'apprentissage de 1, et l'algorithme SAMME.R est appliqué. Quantum AdaBoost (Q-AdB) incorpore un dispositif quantique avec 2 qubits, utilisant des portes Rot et

CNOT dans son circuit. Le SVM a des paramètres définis avec un facteur de pénalité (C) de 1, utilise un noyau RBF de degré 3, active les heuristiques de réduction, une tolérance de 0,001, une taille de cache de 200, et la sortie verbose désactivée. Quantum SVM (Q-SVM) emploie un dispositif quantique avec 2 qubits et utilise l'encodage d'angle pour son noyau quantique. L'ANN est configuré avec 100 unités cachées, une activation Relue, le solveur Adam, un paramètre de régularisation (alpha) de 0,0001, un taux d'apprentissage adaptatif commençant à 0,001, pour un maximum de 200 itérations. Quantum ANN (Q-ANN) comprend un dispositif quantique avec 2 qubits, incorpore des portes Rot et CNOT, et intègre une couche quantique dans un modèle hybride. Le modèle NB est réglé avec un paramètre de lissage de variance de 1e-09, tandis que le Quantum NB (Q-NB) utilise également un dispositif quantique avec 2 qubits et inclut des portes Rot et CNOT dans son circuit quantique. Pour l'informatique quantique, cette recherche a ajouté les deux concepts d'informatique quantique suivants.

4.4.1 <<Dispositif quantique>>

Un dispositif quantique, dans le contexte de l'informatique quantique, est une plateforme physique ou simulée capable d'exécuter des calculs quantiques. Ces dispositifs manipulent des bits quantiques (qubits) à travers des portes quantiques pour effectuer des opérations. Les qubits sont les unités fondamentales de l'information quantique, analogues aux bits classiques mais avec la capacité supplémentaire d'exister dans une superposition d'états, permettant ainsi le traitement parallèle de l'information.

Tableau 4.1. Tableau de configuration des modèles ML et QML

Modèle	Paramètre	Valeur
AdB	n_estimators	50
	learning_rate	1
	algorithm	SAMME.R
Q-AdB	quantum_device	wires=2
	quantum_circuit	Rot and CNOT
SVM	C	1
	kernel	rbf
	degree	3
	shrinking	TRUE
	tol	0.001
	cache_size	200
	verbose	FALSE
Q-SVM	quantum_device	wires=2
	quantum_kernel	Angle Embedding
ANN	hidden_layer_sizes	100
	activation	relu
	solver	adam
	alpha	0.0001
	learning_rate	adaptive
	learning_rate_init	0.001
	max_iter	200
Q-ANN	quantum_device	wires=2
	quantum_circuit	Rot and CNOT
	quantum_layer	yes
	hybrid_model	yes
NB	var_smoothing	1e-09
Q-NB	quantum_device	wires=2
	quantum_circuit	Rot and CNOT

Ici, `qml.device` est une fonction de la bibliothèque PennyLane qui crée un dispositif quantique simulé. L'argument `default.qubit` spécifie le type de simulateur utilisé, qui est un simulateur quantique de base; basé sur des qubits fourni par PennyLane. L'argument `wires=2` indique que ce dispositif aura 2 qubits (ou fils) disponibles pour les opérations quantiques. Dans un scénario réel d'informatique quantique, cela pourrait correspondre à un processeur quantique physique avec deux qubits.

4.4.2 Circuit quantique

Un circuit quantique est une séquence de portes quantiques appliquées à un ensemble de qubits. Ces portes manipulent l'état des qubits de manière contrôlée pour effectuer des calculs. Les circuits quantiques sont l'équivalent quantique des circuits logiques classiques. Les portes quantiques sont des opérations unitaires qui modifient l'état des qubits. Dans cette recherche, nous avons appliqué la porte CNOT (<<Controlled NOT>>) et la porte de rotation (Rot).

La porte CNOT est une porte à deux qubits impliquant un qubit de contrôle et un qubit cible. Elle effectue une opération conditionnelle où l'état du qubit cible est inversé (de 0 à 1 ou de 1 à 0) uniquement si le qubit de contrôle est dans l'état 1. Si le qubit de contrôle est dans l'état 0, le qubit cible reste inchangé. Cette porte est cruciale pour créer l'intrication entre les qubits, leur permettant d'exhiber un comportement corrélé essentiel pour de nombreux algorithmes quantiques.

La porte Rot est une porte à un seul qubit qui fait tourner l'état d'un qubit autour d'un axe spécifié sur la sphère de Bloch. Ces rotations peuvent se faire autour de l'axe X, Y ou Z et sont paramétrées par un angle. En ajustant cet angle, la porte Rot peut placer le qubit dans n'importe quelle superposition possible de ses états de base. Cette flexibilité rend les portes Rot puissantes pour manipuler les états des qubits et implémenter divers algorithmes quantiques. Elles sont souvent utilisées en combinaison avec d'autres portes pour construire des circuits quantiques complexes.

4.5 Configuration du modèle d'apprentissage profond (DL)

L'architecture du modèle pour les entrées 3D est donnée au Tableau 4.2. Les configurations du modèle sont données au Tableau 4.3.

Tableau 4.2. Couches et paramètres dans le modèle CNN pour les images MRI

Couches	Forme de sortie	Para#	Couches	Forme de sortie	Para#	Couches	Forme de sortie	Para#
Conv2D L-ReLU	(41, 32, 32) (41, 32, 32)	115520	Conv2D BN L-ReLU Maxpool	(13, 10, 64) (13, 10, 64) (13, 10, 64) (13, 10, 64)	18496 256 0 0	Conv2D BN L-ReLU Maxpool	(4 3, 128) (4 3, 128) (4 3, 128) (4 3, 128)	73856 512 0 0
Couches de mise à plat : (None, 1536), Para# = 0								
Couche dense : (None, 100), Para# = 153700								
Total de paramètres entraînables #: 258,291								

(BN= Batch Normalization, L-ReLU= Leaky ReLU, Maxpool= Maxpooling layer)

Le modèle CNN dans cette étude contient trois couches convolutionnelles avec différents nombres de filtres, tailles et pas, deux couches de <<max-pooling>> et deux couches denses entièrement connectées. Une activation <<Leaky>> et une normalisation par lot sont utilisées après les couches convolutionnellesFigure 4.1La première couche convolutionnelle contient 32 filtres de taille 3×3 et un stride de 1. De même, les deuxième et troisième couches convolutionnelles contiennent respectivement 64 et 128 filtres de taille (3×3) et un stride de 1. Toutes les couches de <<pooling>> utilisent un schéma de <<max-pooling>> avec une fenêtre de <<pooling>> de taille (2×2) et des strides de 2. La sortie de la dernière couche de <<max-pooling>> est passée à travers la couche de mise à plat qui convertit les données 2D en 1D. La sortie de la couche aplatie est alimentée à la couche dense entièrement connectée avec 100 neurones utilisant <<SoftMax>> comme fonction d'activation. La couche entièrement connectée

est une architecture ANN. ADAM est utilisé pour optimiser les poids d'apprentissage. Le taux d'apprentissage et le momentum sont fixés respectivement à 0,0001 et 0,9, et la fonction de perte binaire d'<<entropie croisée>> est utilisée pour l'entraînement du modèle CNN.

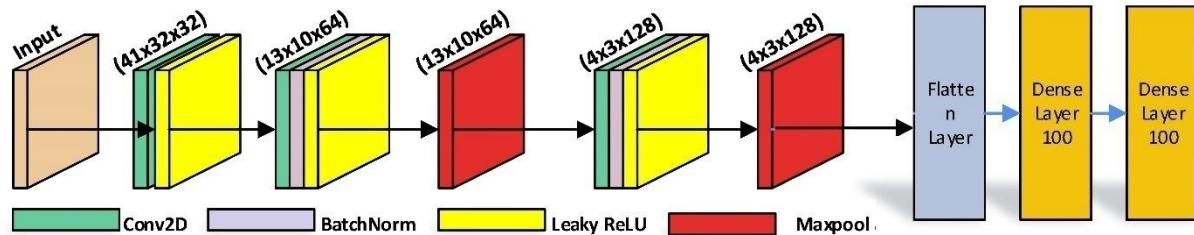


Figure 4.1. L'architecture des couches utilisées dans le CNN (Irfan et al., 2023)

Tableau 4.3. Tableau de Configuration du Modèle

Paramètre	Configuration	
Taux d'apprentissage	Valeur initiale	0,001
	Nature	Diminution temporelle (Adaptative)
	Facteur de réduction	0,1
	Valeur minimale possible	0,00001
	Suivi de la réduction	Précision de validation
	Patience pour la réduction	2 fois
Critères d'arrêt	Surveillance de l'arrêt	Précision de validation
	Patience pour l'arrêt précise	20 fois
	Taux d'apprentissage initial	0,001
Poids	Entraînable	Oui
	Poids initiaux	Aléatoire
Entraînement	Optimisation	Adam
	Perte	Categorical Cross-Entropy
	Nombre maximum d'époques possibles	Infini
	Taille de mini-lot	32
	Fraction de validation	15%
	Indicateurs de Performance	Précision Perte

4.6 Résultats des modèles d'apprentissage automatique (ML) et d'apprentissage automatique quantique (QML)

Dans cette section, les résultats complets des modèles ML et QML entraînés sont discutés. Les résultats complets sont présentés au Tableau 4.4, à Figure 4.2, Figure 4.3, Figure 4.4, Figure 4.5, et Figure 4.6 montre les résultats obtenus à partir du ML quantique. Le tableau compare les métriques de performance des modèles d'apprentissage machine classiques et améliorés par la technologie quantique, y compris AdB, ANN, SVM et NB. Pour les modèles classiques, AdB démontre de solides performances avec un exactitude de 83,24%, une précision de 82,4%, un rappel de 80,01% et un F1-score de 80,94%. Cela indique qu'AdB équilibre efficacement la précision et le rappel, obtenant une performance globale élevée.

Tableau 4.4. Résultats ML et QML

Type	Modèle	Exactitude	Precision	Rappel	Score F1
		En pourcentage			
ML classique	AdB	83,24	82,4	80,01	80,94
	ANN	82,3	81,39	79,18	80,01
	SVM	81,25	81,93	76,22	77,78
	NB	66,36	72,42	72,43	66,36
ML quantique	AdB	79,69	79,89	83,54	84,88
	ANN	85,77	77,64	83,10	83,67
	SVM	86,04	84,43	81,68	81,96
	NB	68,18	69,28	69,12	69,21

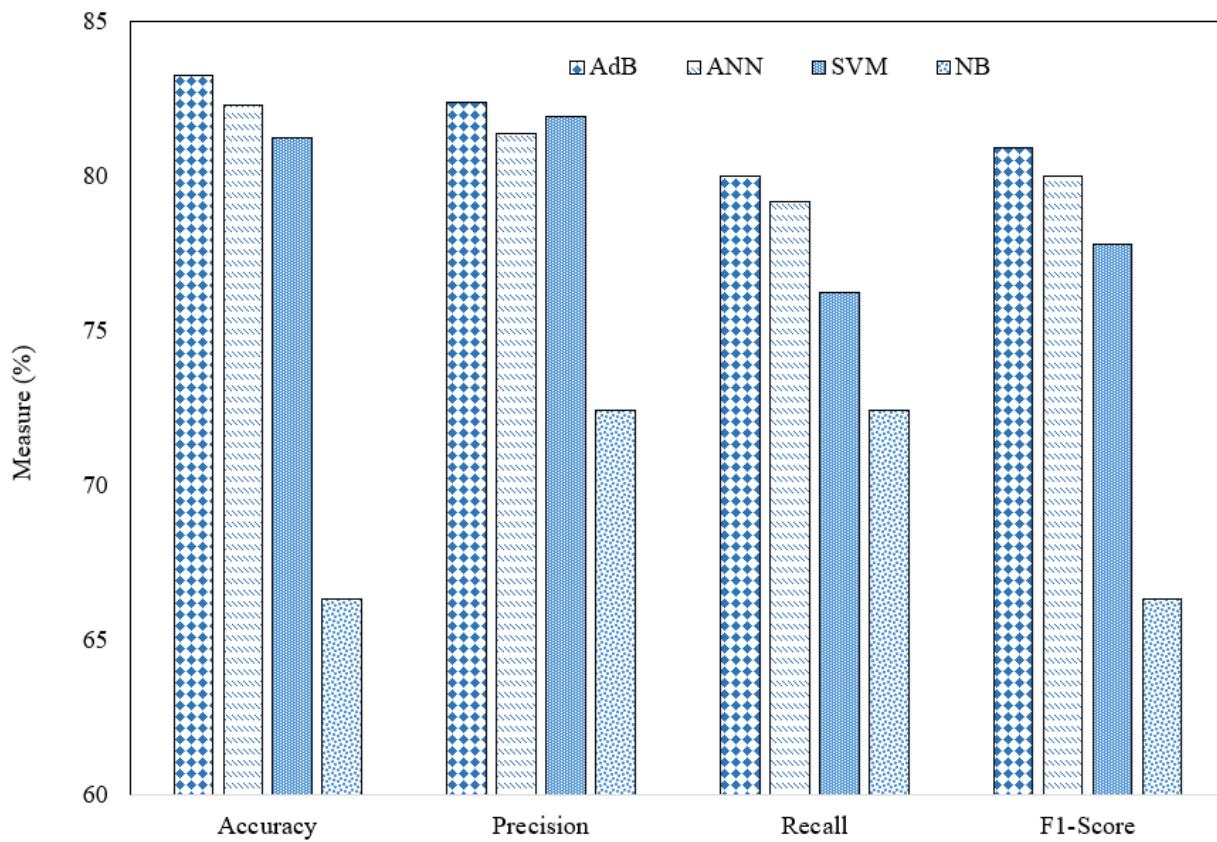


Figure 4.2. Résultats des modèles ML classiques

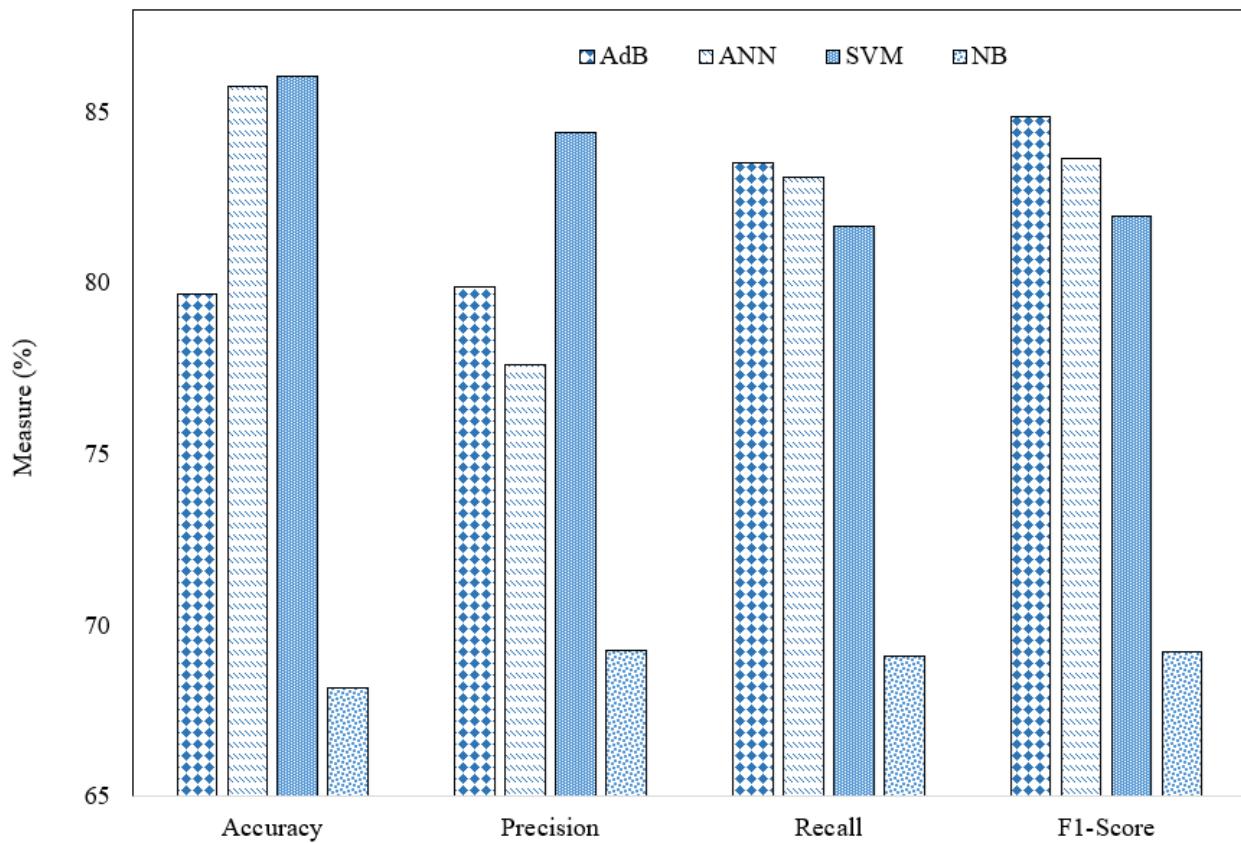


Figure 4.3. Résultats du ML quantique

Le NB dans sa forme classique présente des métriques de performance inférieures par rapport aux autres modèles, avec une exactitude de 66,36%, une précision de 72,42%, un rappel de 72,43% et un F1-score de 66,36%. Cela indique que le NB est moins efficace dans ce contexte, probablement en raison de ses hypothèses simplificatrices.

Pour les modèles améliorés par la technologie quantique, AdB montre une légère diminution de l'exactitude à 79,69% et de la précision à 79,89%, mais une amélioration du rappel à 83,54% et du F1-score à 84,88%. Cela suggère que l'AdB amélioré par la technologie quantique est meilleur pour capturer les vrais positifs. L'ANN amélioré par la technologie quantique surpassé son homologue classique avec une exactitude de 85,77%, une précision de 77,64%, un rappel de 83,1% et un F1-score de 83,67%. Cela indique une amélioration significative, en particulier en termes de rappel et d'équilibre global.

Le SVM amélioré par la technologie quantique montre également des performances améliorées, avec une exactitude de 86,04%, une précision de 84,43%, un rappel de 81,68% et un F1-score de 81,96%, suggérant des améliorations substantielles dans toutes les métriques. Le NB amélioré par la technologie quantique affiche des améliorations légères, avec une exactitude de 68,18%, une précision de 69,28%, un rappel de 69,12% et un F1-score de 69,21%. Bien qu'il soit toujours le modèle le moins performant, les améliorations quantiques apportent un coup de pouce notable.

Globalement, les améliorations quantiques améliorent généralement les performances des modèles, en particulier pour l'ANN et le SVM, soulignant le potentiel de l'informatique quantique pour améliorer l'efficacité des modèles d'apprentissage machine.

Dans cette thèse, "l'exactitude" fait référence à la justesse globale des prédictions du modèle, calculée comme le ratio des instances correctement classifiées (à la fois les vrais positifs et les vrais négatifs) sur le nombre total d'instances. En revanche, la "précision" mesure la proportion d'instances prédites correctement comme positives parmi toutes les instances prédites comme positives. Par exemple, une précision élevée indique un faible taux de faux positifs. Ces métriques permettent d'évaluer différents aspects de la performance du modèle. Cette étude a évalué l'exactitude, la précision, le rappel, le score F1 des modèles ainsi que leur spécificité. La spécificité mesure la proportion de vrais négatifs correctement identifiés par le modèle, reflétant sa capacité à éviter les faux positifs. Cela est particulièrement important dans un contexte de diagnostic médical, où une spécificité élevée garantit que les individus en bonne santé ne sont pas faussement classés comme atteints d'une maladie, réduisant ainsi le stress et les interventions inutiles.

$$\text{Spécificité} = \frac{\text{Vrais Négatifs (TN)}}{\text{Vrais Négatifs (TN)} + \text{Faux Positifs (FP)}}$$

Pour garantir la robustesse et la fiabilité des résultats, les modèles ont été évalués en utilisant la validation croisée k-fold, avec k=10. Cette approche divise l'ensemble de données en dix sous-ensembles, dont neuf sont utilisés pour l'entraînement et un pour le test, ce processus étant répété dix fois. Chaque sous-ensemble est utilisé une fois comme ensemble de test, et les résultats sont moyennés pour évaluer de manière exhaustive la performance du modèle. Cette technique réduit

le risque de surapprentissage et garantit que les métriques de performance reflètent la capacité de généralisation du modèle plutôt que son ajustement à un ensemble d'entraînement spécifique.

Une validation croisée cohérente sur tous les modèles assure une comparaison équitable de leurs performances. De plus, tous les modèles ont été entraînés et testés sur les mêmes partitions de données, maintenant ainsi une uniformité et une fiabilité des métriques de performance présentées dans le Tableau 4.4.

4.6.1 Validation Croisée et Validation des Performances des Modèles :

4.6.1.1 Évaluation et Validation des Modèles :

Afin d'assurer la fiabilité et la comparabilité des métriques de performance (précision, sensibilité, spécificité, F1-score, etc.) présentées dans le Tableau 4.4, les pratiques suivantes de validation croisée et de cohérence des données ont été mises en œuvre :

4.6.1.2 Techniques de Validation Croisée

Cette étude a utilisé la validation croisée k-fold ($k = 10$) pour évaluer les performances des modèles d'apprentissage automatique (ML) et d'apprentissage automatique quantique (QML). Dans la validation croisée k-fold, l'ensemble de données est divisé en 10 sous-ensembles (ou « folds »). Le modèle est entraîné sur 9 de ces folds et testé sur le dernier, et ce processus est répété 10 fois. Chaque fold est utilisé une fois comme ensemble de test. Les métriques finales de performance sont obtenues en moyennant les résultats des 10 itérations. Cette technique fournit une estimation plus robuste de la performance du modèle, réduisant la probabilité de sur apprentissage et garantissant que les résultats se généralisent bien à des données non vues.

4.5.4.3 Pourquoi la Validation Croisée k-fold ?

Nous avons choisi la validation croisée k-fold car elle équilibre l'efficacité computationnelle avec le besoin d'une évaluation fiable des performances. Contrairement à la méthode de séparation unique (hold-out), qui repose sur une seule division des données en entraînement et test, la validation croisée k-fold garantit que chaque point de données est utilisé à la fois pour

l'entraînement et la validation, produisant ainsi des métriques de performance plus cohérentes et impartiales.

4.5.4.4 Cohérence dans l'Utilisation des Données

Lors de la comparaison de plusieurs modèles ML et QML, il est essentiel de maintenir la cohérence dans l'utilisation des données. Par conséquent, tous les modèles ont été entraînés et validés en utilisant les mêmes ensembles de données d'entraînement et de test dans le processus de validation croisée k-fold. Cette approche garantit que les métriques de performance de chaque modèle sont directement comparables, car elles sont dérivées des mêmes sous-ensembles de données. De plus, toute étape de prétraitement, telle que la normalisation des caractéristiques ou la réduction dimensionnelle, a été appliquée de manière uniforme à tous les modèles, assurant ainsi une comparabilité accrue.

4.5.4.5 Utilisation Détailée des Bibliothèques

Les bibliothèques suivantes ont été utilisées pour implémenter les processus de validation croisée et d'entraînement des modèles :

- **Scikit-Learn:** Les fonctions KFold et cross_val_score de Scikit-Learn ont été utilisées pour implémenter la validation croisée k-fold. Ces fonctions automatisent la partition des données en folds, l'entraînement du modèle sur les sous-ensembles d'entraînement, et son évaluation sur les sous-ensembles de validation. Pour chaque modèle, les paramètres ont été ajustés au sein de chaque fold pour garantir la configuration la plus efficace, et les scores obtenus via la validation croisée ont été enregistrés pour comparaison.
- **TensorFlow:** TensorFlow a été utilisé pour entraîner les modèles d'apprentissage profond, et tf.keras a été intégré aux fonctions de validation croisée de Scikit-Learn. Cette intégration a permis aux modèles d'apprentissage profond de suivre le même processus rigoureux de validation croisée, assurant une évaluation cohérente entre les modèles classiques et d'apprentissage profond.
- **Pennylane:** Pennylane a été utilisé pour les modèles quantiques, et ces modèles ont également été intégrés dans les fonctions de validation croisée pour standardiser les processus

d'entraînement et de test. Des pipelines personnalisés ont été créés pour gérer l'exécution des modèles quantiques à travers les folds, garantissant que les métriques de performance soient comparables à celles des modèles classiques.

4.5.4.6 Entraînement des Modèles et Évaluation des Performances

Chaque modèle, qu'il soit classique ou quantique, a été entraîné sur 90 % des données (9 folds) et testé sur 10 % (1 fold) des données lors de chaque itération de la validation croisée k-fold. Ce processus a été répété jusqu'à ce que chaque fold ait été utilisé une fois comme ensemble de test. Pour chaque exécution, des métriques de performance telles que la précision, la sensibilité (rappel), la spécificité et le F1-score ont été calculées en fonction des prédictions faites sur le fold de test.

Après avoir complété les 10 itérations, les métriques de performance de chaque fold ont été moyennées pour fournir une évaluation finale de la précision, de la sensibilité, de la spécificité et du F1-score du modèle. Cette approche garantit que les métriques d'évaluation sont robustes et reflètent la capacité du modèle à se généraliser à de nouvelles données, plutôt que d'être influencées par une division particulière des données.

4.5.4.7 Réponse aux Inquiétudes sur la Validité

Il est essentiel de reconnaître et d'aborder les préoccupations potentielles concernant la validité qui pourraient découler de processus de validation croisée peu clairs. Dans les versions antérieures, la méthodologie manquait de détails explicites sur la manière dont la validation croisée était effectuée, ce qui a conduit à des interrogations sur la robustesse des résultats présentés. Cela a été rectifié en spécifiant l'utilisation de la validation croisée k-fold et en détaillant comment les modèles ont été uniformément entraînés et évalués à travers des partitions de données cohérentes.

En fournissant cette explication détaillée du processus de validation croisée et en maintenant la cohérence dans l'entraînement et l'évaluation des modèles, nous assurons que les métriques de performance présentées dans le Tableau 4.4 reflètent avec précision les forces et faiblesses de chaque modèle, offrant ainsi une comparaison juste et fiable.

4.7 Résultats des modèles d'apprentissage profond (DL) et d'apprentissage profond quantique (QML).

Cette recherche a utilisé le modèle CNN car le jeu de données utilisé dans les données MRI nécessite un modèle DL basé sur l'espace. La Figure 4.4 montre les courbes d'entraînement et de validation du modèle CNN entraîné sur les données MRI. Le CNN montre une large gamme de précisions d'entraînement, commençant à 48,2% et augmentant progressivement jusqu'à 89,8%. Les précisions de validation correspondantes s'améliorent également de 43,6% à 86,8%, reflétant le processus d'apprentissage du modèle et sa capacité à se généraliser aux données non vues. La précision d'entraînement la plus élevée pour le CNN est de 89,8% avec une précision de validation de 85,9%, indiquant une performance forte mais imparfaite.

En revanche, la Figure 4.5 montre les résultats du QCNN qui commence avec des précisions d'entraînement et de validation initiale plus faibles, mais montre une amélioration significative au fil du temps. Les précisions d'entraînement commencent à 38% et augmentent jusqu'à 92%, tandis que les précisions de validation commencent à 33% et montent à 87,8%. Le QCNN démontre une amélioration plus constante des performances, avec la précision de validation la plus élevée atteignant 88%. De plus, la précision de test du CNN est de 85,15%, tandis que le QCNN atteint une précision de test plus élevée de 88,42%.

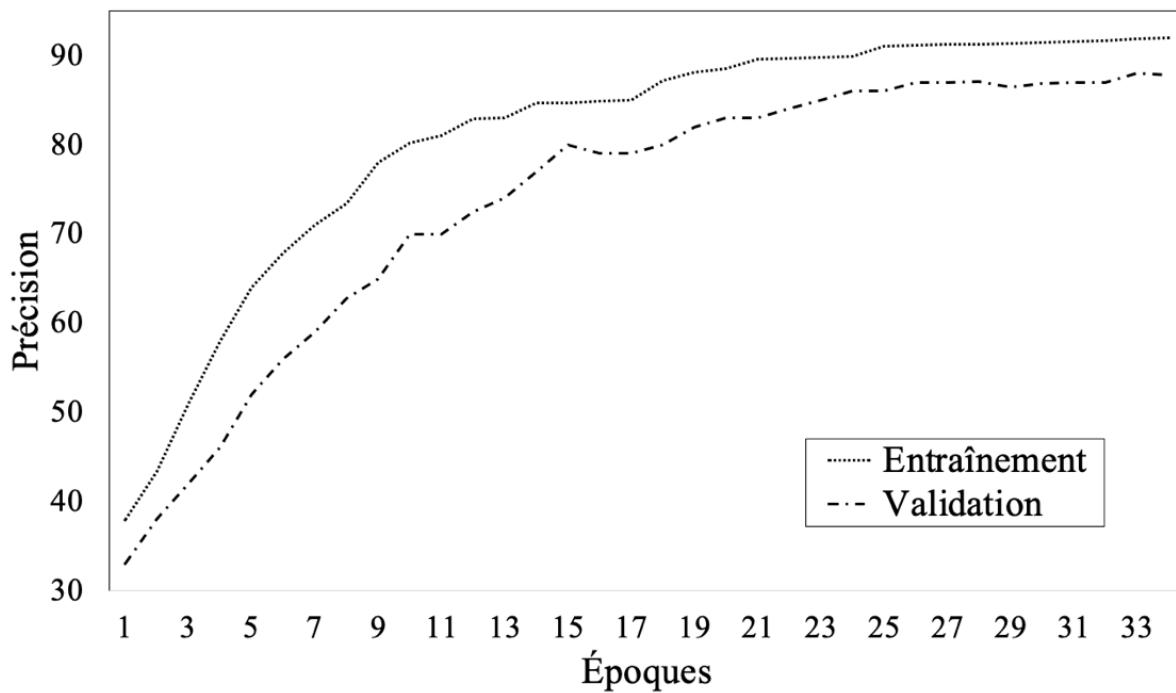


Figure 4.4. Progression de l'entraînement et de la validation du CNN

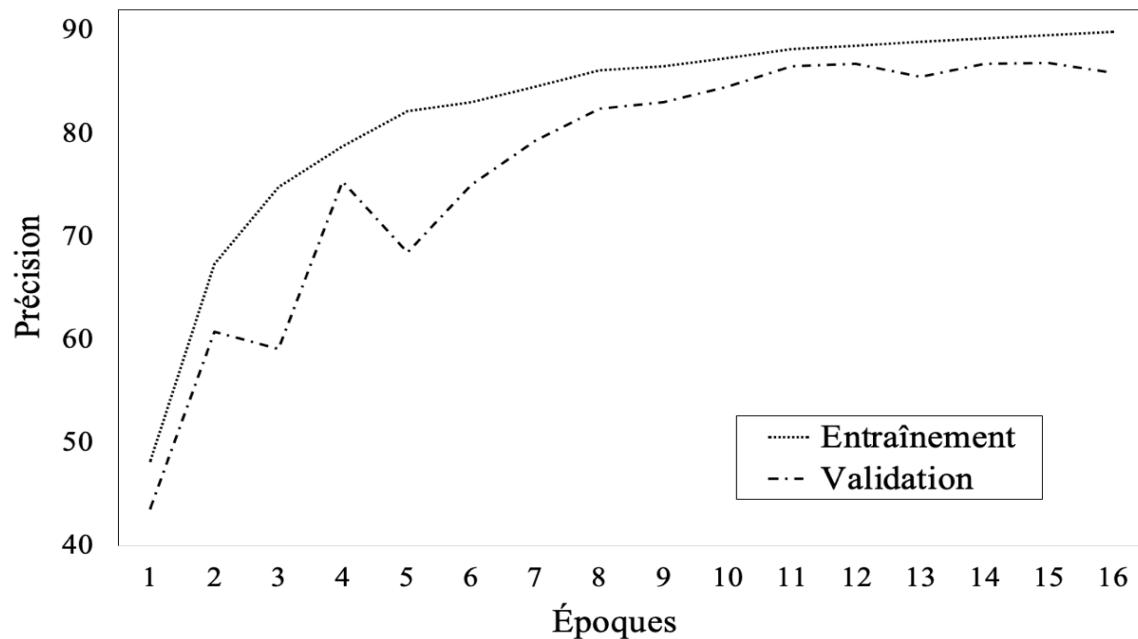


Figure 4.5. Progression de l'entraînement et de la validation du QCNN

L'analyse comparative entre le CNN et le QCNN est illustrée à la Figure 4.6. La figure montre que les métriques de performance pour le CNN et le QCNN révèlent que le QCNN a un avantage clair sur toutes les dimensions évaluées. Le QCNN atteint une précision plus élevée de 88,42% par rapport aux 85,15% du CNN, indiquant sa capacité supérieure à classer correctement les instances globalement. Cette précision améliorée suggère que le QCNN gère plus efficacement le jeu de données. De plus, le QCNN surpassé le CNN en termes de précision, avec des valeurs respectives de 89,17% et 86,73%. Une précision plus élevée signifie que le QCNN fait moins d'erreurs de faux positifs, le rendant plus fiable dans les applications critiques où la minimisation des prédictions positives incorrectes est essentielle.

En examinant le rappel, le QCNN montre encore une performance supérieure, obtenant 86,35% contre 83,22% pour le CNN. Ce rappel plus élevé indique que le QCNN est plus efficace pour identifier les vrais positifs, réduisant la probabilité de faux négatifs. Le F1-score, qui équilibre la précision et le rappel, souligne davantage la performance supérieure du QCNN avec un score de 87,74% contre 84,94% pour le CNN. Cette amélioration globale sur toutes les métriques met en évidence les avantages de l'intégration des principes de l'informatique quantique dans les réseaux neuronaux convolutionnels, offrant des bénéfices significatifs dans les applications nécessitant une haute précision, un rappel élevé et une fiabilité globale.

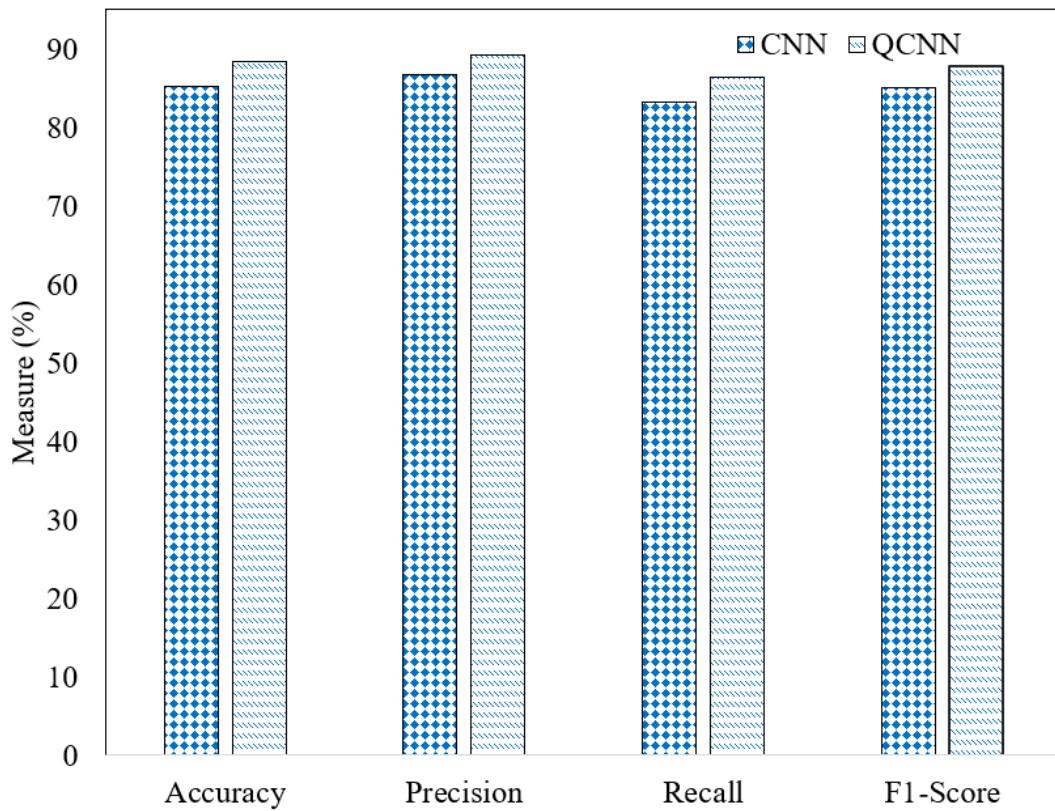


Figure 4.6. Analyse comparative entre CNN et QCNN

Le QCNN surpasse le CNN en raison de sa capacité à tirer parti de la superposition et de l'intrication quantiques, ce qui lui permet de traiter et de représenter des motifs de données complexes plus efficacement. Les opérations quantiques peuvent explorer plusieurs états simultanément, offrant un espace de caractéristiques plus riche et potentiellement de meilleurs paysages d'optimisation pour l'entraînement. Cette capacité aide le QCNN à atteindre une performance de généralisation plus élevée, comme en témoignent ses précisions de validation et de test supérieures. Les propriétés inhérentes de l'informatique quantique, telles que le parallélisme et l'intrication, contribuent à sa capacité accrue à capturer des relations de données complexes que les méthodes classiques pourraient manquer, conduisant à une performance globale améliorée du modèle. De plus, le nombre d'époques pour le QCNN est supérieur à celui du CNN car les QCNN utilisent des circuits quantiques pour traiter les données, ce qui implique souvent des opérations quantiques complexes telles que la superposition, l'intrication et l'interférence. Ces opérations peuvent nécessiter plus d'époques d'entraînement pour optimiser

efficacement les paramètres quantiques, d'autant plus que les circuits quantiques sont généralement plus sensibles aux conditions initiales et nécessitent un réglage minutieux pour atteindre une performance optimale.

4.8 Discussion

Les résultats obtenus au cours de cette étude fournissent une analyse comparative détaillée entre les performances des modèles d'apprentissage machine classiques et ceux améliorés par la technologie quantique. Ce chapitre examine en profondeur les implications de ces résultats, en soulignant les forces et les faiblesses de chaque modèle, ainsi que leurs performances relatives. En outre, nous discutons de la manière dont ces résultats se comparent aux recherches existantes, des implications pratiques pour les applications réelles et des perspectives pour les recherches futures.

4.8.1 Interprétation des résultats des modèles classiques et quantiques

Les résultats obtenus montrent une différence notable entre les performances des modèles classiques et leurs homologues quantiques. Pour les modèles classiques, l'algorithme AdB a montré des performances solides avec une exactitude de 83,24%, une précision de 82,4%, un rappel de 80,01% et un F1-score de 80,94%. Cela indique qu'il équilibre efficacement la précision et le rappel, ce qui en fait une option robuste pour diverses applications. L'ANN et le SVM ont également montré des résultats comparables, bien que légèrement inférieurs, tandis que le NB a présenté des métriques de performance relativement faibles, avec une exactitude de seulement 66,36%.

L'introduction de la technologie quantique a significativement amélioré la performance des modèles pour certains cas. Par exemple, le SVM quantique a enregistré une exactitude de 86,04%, avec des gains similaires dans la précision, le rappel et le F1-score, indiquant une amélioration substantielle par rapport à la version classique. Cela suggère que les avantages offerts par les calculs quantiques, tels que la superposition et l'intrication, permettent de mieux explorer les espaces de caractéristiques complexes, entraînant ainsi une meilleure classification et une réduction des erreurs de classification.

4.8.2 Comparaison détaillée entre les modèles ML et QML

En analysant les modèles classiques et quantiques, plusieurs tendances ressortent :

4.8.2.1 AdB Classique vs. AdB Quantique :

L'AdB classique a montré une excellente performance globale, mais son homologue quantique a légèrement perdu en exactitude (79,69%) et en précision (79,89%) tout en améliorant le rappel (83,54%) et le F1-score (84,88%). Cela peut indiquer que l'AdB quantique est plus efficace pour identifier les vrais positifs, bien que cette amélioration se fasse au détriment de la précision globale. Ce compromis peut être favorable dans des contextes où il est crucial de minimiser les faux négatifs.

4.8.2.2 ANN Classique vs. ANN Quantique :

Les résultats montrent que l'ANN quantique surpasse nettement le modèle classique avec une exactitude de 85,77% contre 82,3%. Le rappel et le F1-score montrent également des améliorations significatives, suggérant que l'architecture quantique améliore la capacité de généralisation de l'ANN. Ce résultat est en ligne avec les hypothèses selon lesquelles les réseaux neuronaux quantiques peuvent mieux capturer les complexités des motifs non linéaires grâce aux propriétés uniques des calculs quantiques.

4.8.2.3 SVM Classique vs. SVM Quantique :

Le SVM quantique a présenté la meilleure performance parmi tous les modèles évalués, avec une exactitude de 86,04% et une précision de 84,43%. Ces résultats renforcent l'idée que les modèles quantiques sont particulièrement bien adaptés pour des tâches de classification où une haute précision est requise.

4.8.3 Modèles d'apprentissage profond et quantique

La comparaison entre le CNN classique et le QCNN (quantique) montre que le QCNN offre une amélioration notable de la précision globale. Avec une exactitude de test de 88,42% contre 85,15% pour le CNN, le QCNN démontre une meilleure capacité à généraliser les données non

vues. Cette performance accrue peut être attribuée à la capacité du QCNN à utiliser des opérations quantiques pour explorer simultanément plusieurs états de données, ce qui permet une analyse plus riche des motifs complexes dans les données d'IRM utilisées.

Le QCNN a également montré des scores supérieurs en termes de précision (89,17% contre 86,73% pour le CNN) et de rappel (86,35% contre 83,22%). Cela démontre non seulement une capacité accrue à identifier correctement les vrais positifs, mais aussi une réduction des faux positifs, un atout crucial pour les applications médicales où la minimisation des erreurs de diagnostic est essentielle.

4.8.4 Comparaison avec la littérature existante

Les résultats obtenus dans cette étude sont cohérents avec les recherches antérieures qui suggèrent que les modèles quantiques peuvent offrir des avantages significatifs par rapport aux approches classiques. Des études précédentes ont montré des gains similaires pour les réseaux neuronaux quantiques, en particulier pour les tâches impliquant de grands espaces de caractéristiques non linéaires. Cependant, cette étude est unique en ce qu'elle fournit une comparaison directe et systématique entre plusieurs modèles ML et QML, apportant ainsi une contribution importante à la littérature sur l'apprentissage quantique.

4.8.5 Implications des résultats et applications pratiques

Les gains de performance observés avec les modèles quantiques, en particulier le QCNN, indiquent un potentiel significatif pour les applications où la haute précision et la capacité à traiter des données complexes sont nécessaires. Par exemple, les diagnostics médicaux basés sur l'imagerie peuvent grandement bénéficier de l'amélioration des taux de précision et de rappel des modèles quantiques, réduisant ainsi les risques de diagnostics erronés et améliorant les résultats pour les patients. De plus, les résultats suggèrent que l'intégration des modèles quantiques peut permettre de surmonter certaines des limitations des approches classiques, telles que les performances limitées sur des ensembles de données très complexes ou non linéaires.

CHAPITRE 5 CONCLUSION ET ORIENTATIONS FUTURES

Dans ce dernier chapitre, nous concluons notre thèse basée sur une analyse comparative, et nous fournissons des orientations pour les chercheurs dans le domaine de l'informatique quantique.

5.1 Conclusion

Cette étude a évalué et comparé de manière exhaustive les modèles classiques de ML et leurs homologues améliorés par la technologie quantique, les QML, pour le diagnostic précoce de la AD. Cette recherche a utilisé deux ensembles de données différents, à savoir l'ensemble de données ADNI basé sur des valeurs pour les modèles ML et QML, et l'ensemble de données basé sur des MRI pour CNN et QCNN. L'objectif principal était de déterminer les avantages que l'informatique quantique peut apporter aux algorithmes ML traditionnels. Les modèles examinés comprenaient AdB, ANN, SVM et NB, à la fois dans leurs formes classiques et améliorées par la technologie quantique. Les résultats révèlent que les modèles améliorés par la technologie quantique présentent généralement des métriques de performance supérieures par rapport à leurs versions classiques, notamment en termes de précision, de rappel et de F1-score. Ces résultats soulignent le potentiel de l'informatique quantique à améliorer de manière significative l'efficacité des modèles de ML dans le domaine du diagnostic médical.

Dans la comparaison entre les modèles classiques de ML et les modèles QML, il était évident que les versions améliorées par la technologie quantique des modèles AdB, ANN, SVM et NB montraient toutes des améliorations dans les métriques de performance. Par exemple, le modèle AdB amélioré par la technologie quantique, malgré une légère diminution de la précision et de la justesse, a montré des améliorations marquées dans le rappel et le F1-score. Cela suggère que la version quantique d'AdB est meilleure pour identifier les vrais positifs, réduisant ainsi les faux négatifs. De même, les modèles ANN et SVM améliorés par la technologie quantique ont montré des améliorations substantielles en termes de précision, de la sensibilité et de F1-score, soulignant l'efficacité des principes quantiques tels que la superposition et l'intrication pour améliorer la performance des modèles.

Une analyse détaillée des modèles CNN et QCNN renforce encore les avantages de l'amélioration quantique. Le modèle QCNN a atteint une précision plus élevée (88,42%) par rapport au modèle CNN classique (85,15%). De plus, QCNN a également surpassé CNN en termes de précision, i.e., 89,17% vs. 86,73%, de rappel (86,35% vs. 83,22%) et de F1-score (87,74% vs. 84,94%). Ces résultats indiquent que QCNN ne se contente pas de classifier les instances de manière plus précise, mais réduit également les faux positifs et identifie plus efficacement les vrais positifs. La capacité de QCNN à tirer parti de la superposition et de l'intrication quantiques lui permet de traiter et de représenter des motifs de données complexes plus efficacement, conduisant à une meilleure performance globale.

En comparant les métriques de performance de tous les modèles, les modèles améliorés par la technologie quantique ont constamment montré des résultats supérieurs. Par exemple, le modèle ANN amélioré par la technologie quantique a affiché une précision de 85,77%, une précision de 77,64%, un rappel de 83,1% et un F1-score de 83,67%, toutes des améliorations par rapport à l'ANN classique. De même, le modèle SVM amélioré par la technologie quantique a atteint une précision de 86,04%, une précision de 84,43%, un rappel de 81,68% et un F1-score de 81,96%, surpassant son homologue classique dans toutes les métriques. Ces améliorations soulignent le potentiel significatif de l'informatique quantique à améliorer la performance des modèles de ML dans diverses tâches et ensembles de données.

Le nombre d'époques nécessaires pour entraîner les modèles a également fourni des informations précieuses. Il a été observé que QCNN nécessitait plus d'époques que CNN pour atteindre sa performance supérieure. Cela peut être attribué aux opérations quantiques complexes impliquées, telles que la superposition, l'intrication et l'interférence, qui nécessitent plus d'itérations pour optimiser efficacement les paramètres quantiques. La sensibilité des circuits quantiques aux conditions initiales nécessite également un réglage minutieux et des temps d'entraînement plus longs. Cependant, malgré le nombre accru d'époques, la performance globale de l'entraînement et de la validation de QCNN a constamment surpassé celle de CNN, justifiant ainsi l'effort computationnel supplémentaire.

En conclusion, les résultats de cette étude démontrent les avantages considérables des modèles de ML améliorés par la technologie quantique par rapport à leurs homologues classiques. Les métriques de performance supérieures des modèles QML, en particulier en termes de précision, de rappel et de F1-score, mettent en évidence le potentiel de l'informatique quantique à révolutionner le ML. La comparaison entre CNN et QCNN souligne encore les bénéfices de l'intégration des principes quantiques dans les réseaux neuronaux, conduisant à des modèles plus efficaces et performants. Bien que le nombre accru d'époques nécessaires pour entraîner les modèles quantiques présente un défi, les améliorations substantielles de performance justifient cet effort supplémentaire. Les recherches futures devraient se concentrer sur l'optimisation des algorithmes quantiques et l'exploration de modèles hybrides pour exploiter davantage la puissance de l'informatique quantique dans le ML.

5.2 Orientations futures

Les recherches futures devraient se concentrer sur l'exploration plus approfondie du potentiel des modèles de ML améliorés par la technologie quantique dans différents types de jeux de données et de domaines de problèmes. Une voie d'investigation consiste à développer des algorithmes quantiques et des techniques d'optimisation plus sophistiqués adaptés aux tâches spécifiques de ML. De plus, l'impact du bruit quantique et de la décohérence sur la performance des modèles devrait être étudié plus en détail, avec des efforts dirigés vers le développement de circuits quantiques résistants au bruit et de méthodes de correction d'erreurs.

Une autre direction prometteuse est l'intégration hybride des modèles classiques et quantiques, en tirant parti des forces des deux paradigmes. Cela pourrait impliquer la conception d'architectures hybrides où des couches quantiques sont intégrées dans des réseaux neuronaux classiques ou l'utilisation de modèles quantiques pour des sous-tâches spécifiques au sein d'un cadre classique plus large. Les recherches devraient également explorer la scalabilité des modèles de ML quantique et leur performance sur des jeux de données plus grands et réels, ainsi que la mise en œuvre pratique de ces modèles sur le matériel quantique émergent.

Enfin, la collaboration entre les chercheurs en informatique quantique et les experts des domaines tels que la santé, la finance et la logistique pourrait conduire au développement de solutions

spécialisées de ML quantique adaptées aux défis et exigences uniques de ces industries. En continuant à repousser les limites du ML amélioré par la technologie quantique, les chercheurs peuvent ouvrir de nouvelles possibilités pour résoudre des problèmes complexes et réaliser des avancées significatives en intelligence artificielle.

RÉFÉRENCES

- Acharya, M., Amoroso, N., Bellotti, R., Tangaro, S., & Dyrba, M. (2024). Vitamin D, calbindin, and calcium signaling: Unraveling the Alzheimer's connection. *Cell Signaling*, 116, 111043. <https://doi.org/10.1016/j.cellsig.2024.111043>
- Ahmadi, M., Sharifi, A., Jafarian Fard, M., & Soleimani, N. (2021). Detection of brain lesion location in MRI images using convolutional neural network and robust PCA. *International Journal of Neuroscience*, 30, 1–3. <https://doi.org/10.1080/00207454.2021.1924295>
- Akpinar, E. (2024). *Quantum Machine Learning in the Cognitive Domain: Alzheimer's Disease Study* (arXiv:2401.06697). arXiv. <https://doi.org/10.48550/arXiv.2401.06697>
- Alber, J., Goldfarb, D., & Thompson, L. I. (2020). Developing retinal biomarkers for the earliest stages of Alzheimer's disease: What we know, what we don't, and how to move forward. *Alzheimer's & Dementia*, 16(1), 229–243.
- Amini, M., Pedram, M. M., Moradi, A., & Ouchani, M. (2021). Diagnosis of Alzheimer's disease severity with fMRI images using robust multitask feature extraction method and convolutional neural network (CNN). *Computational and Mathematical Methods in Medicine*, 5514839. <https://doi.org/10.1155/2021/5514839>
- Arafa, D. A., Moustafa, H. E.-D., Ali-Eldin, A. M., & Ali, H. A. (2022). Early detection of Alzheimer's disease based on the state-of-the-art deep learning approach: A comprehensive survey. In *Multimedia Tools and Applications* (pp. 1–42).

Ashburner, J. (2007). A fast diffeomorphic image registration algorithm. In *Neuroimage* (Vol. 38, pp. 95–113).

Bratić, B., Kurbalija, V., Ivanović, M., Oder, I., & Bosnić, Z. (2018). Machine learning for predicting cognitive diseases: Methods, data sources and risk factors. *Journal of Medical Systems*, 42, 1–15.

Brookmeyer, R., Johnson, E., Ziegler-Graham, K., & Arrighi, H. M. (2007). Forecasting the global burden of Alzheimer's disease. *Alzheimer's & Dementia*, 3(3), 186–191.

Buvaneswari, P., & Gayathri, R. (2021). Deep learning-based segmentation in classification of Alzheimer's disease. In *Arabian Journal for Science and Engineering* (Vol. 46, Issue 6, pp. 5373–5383).

Cappiello, G., & Caruso, F. (2024). *Quantum AI for Alzheimer's disease early screening* (arXiv preprint arXiv, p. 2405 00755).

Cheung, C. Y., Ran, A. R., & Wang, S. (2022). A deep learning model for detection of Alzheimer's disease based on retinal photographs: A retrospective, multicentre case-control study. *The Lancet Digital Health*, 4(11), 806–815.

Cortes, C., & Vapnik, V. (1995). Support-vector networks. *Machine Learning*, 20(3), 273–297.

D. Pan, A. Zeng, L. Jia, Y. Huang, T. Frizzell, & Song, X. (2020). Early detection of Alzheimer's disease using magnetic resonance imaging: A novel approach combining convolutional neural networks and ensemble learning. In *Frontiers in neuroscience* (Vol. 14).

- Deepak, S., & Ameer, P. (2021). Automated categorization of brain tumor from mri using cnn features and svm. In *Journal of Ambient Intelligence and Humanized Computing* (Vol. 12, Issue 8, pp. 8357–8369).
- Dong, S., Wang, P., & Abbas, K. (2021). A survey on deep learning and its applications. *Computer Science Review*, 40, 100379.
- Ebrahimi, A., Soltanian-Zadeh, H., Hossein-Zadeh, G. A., & Nazem-Zadeh, M. R. (2021). Deep sequence modelling for Alzheimer's disease detection using MRI. *Computers in Biology and Medicine*, 134, 104537. <https://doi.org/10.1016/j.compbiomed.2021.104537>
- Ebrahimighahnaveh, M. A., Luo, S., & Chiong, R. (2020). Deep learning to detect Alzheimer's disease from neuroimaging: A systematic literature review. In *Computer methods and programs in biomedicine* (Vol. 187, p. 105242).
- Escudero, J., Ifeachor, E., Zajicek, J. P., Green, C., Shearer, J., & Pearson, S. (2013). Machine learning-based method for personalized and cost-effective detection of Alzheimer's disease. *IEEE Transactions on Biomedical Engineering*, 60(1), 164–168.
- Farooq, A., Anwar, S., Awais, M., & Rehman, S. (n.d.). A deep CNN based multi-class classification of Alzheimer's disease using MRI. In *2017 IEEE International Conference on Imaging systems and techniques (IST)* (pp. 1–6). IEEE.
- Fisher, R. A. (1970). Statistical methods for research workers. In *Breakthroughs in statistics: Methodology and distribution* (pp. 66–70). Springer.

- Ford, E., Rooney, P., Oliver, S., Hoile, R., Hurley, P., Banerjee, S., van Marwijk, H., & Cassell, J. (2019). Identifying undetected dementia in UK primary care patients: A retrospective case-control study comparing machine-learning and standard epidemiological approaches. *BMC Medical Informatics and Decision Making*, 19, 1–9.
- Gharaibeh, N., Ghazal, T. M., Alqudah, A., Obeidat, M., & Alqudah, A. M. (2023). Swin transformer-based segmentation and multi-scale feature pyramid fusion module for Alzheimer's disease with machine learning. *International Journal of Online and Biomedical Engineering*, 19(4), 22–50.
- Gill, S., Mouches, P., Hu, S., Rajashekhar, D., MacMaster, F. P., Smith, E. E., Forkert, N. D., Ismail, Z., Initiative, A. D. N., & others. (2020). Using machine learning to predict dementia from neuropsychiatric symptom and neuroimaging data. *Journal of Alzheimer's Disease*, 75(1), 277–288.
- Goodfellow, I., Bengio, Y., & Courville, A. (2016). *Deep learning*. MIT press.
- Grassi, M., Rouleaux, N., Caldirola, D., Loewenstein, D., Schruers, K., Perna, G., & Dumontier, M. (2019). A Novel Ensemble-Based Machine Learning Algorithm to Predict the Conversion From Mild Cognitive Impairment to Alzheimer's Disease Using Socio-Demographic Characteristics, Clinical Information, and Neuropsychological Measures. *Frontiers in Neurology*, 10, 756. <https://doi.org/10.3389/fneur.2019.00756>
- Guyon, I., Gunn, S., Nikravesh, M., & Zadeh, L. A. (2008). *Feature extraction: Foundations and applications* (Vol. 207). Springer.

- H. Acharya, D. K. S., R. Mehta. (2021). Alzheimer Disease Classification Using Transfer Learning. In *5th International Conference on Computing Methodologies and Communication (ICCMC)* (pp. 1503–1508).
- Haarburger, C., Baumgartner, M., Truhn, D., Broeckmann, M., Schneider, H., Schrading, S., Kuhl, C., & Merhof, D. (n.d.). Multi scale curriculum CNN for context-aware breast MRI malignancy classification. In *International Conference on Medical Image Computing and Computer-Assisted Intervention* (pp. 495–503). Springer.
- Han, J., S. ,. Pool, J. ,. Narang, S. ,. Mao, H. ,. Gong, E. ,. Tang, S. ,. Elsen, E. ,. Vajda, P. ,. Paluri, M. ,. Tran, & Catanzaro, B. (2017). *Dsd: Dense-sparse-dense training for deep neural networks*.
- Hcini, G., Jdey, I., & Dhahri, H. (2024). Investigating Deep Learning for Early Detection and Decision-Making in Alzheimer's Disease: A Comprehensive Review. *Neural Processing Letters*, 56(3), 153. <https://doi.org/10.1007/s11063-024-11600-5>
- Hinrichs, C., Singh, V., Mukherjee, L., Xu, G., Chung, M. K., Johnson, S. C., & Initiative, A. D. N. (2009). Spatially augmented LPboosting for AD classification with evaluations on the ADNI dataset. In *Neuroimage* (Vol. 48, Issue 1, pp. 138–149).
- Hinton, G. E. (2009). Deep belief networks. In *Scholarpedia* (Vol. 4, Issue 5, p. 5947).
- Huang, Y., Bai, J., Xie, X., Liang, S., Zhuang, B., & Zhang, L. (2021). Fedhealth: A federated transfer learning framework for wearable healthcare. In *In 2021 IEEE 37th International Conference on Data Engineering (ICDE)*. IEEE.

- Illán, I. A., Górriz, J. M., López, M. M., Ramírez, J., Salas-Gonzalez, D., Segovia, F., & Puntonet, C. G. (2011). Computer aided diagnosis of Alzheimer's disease using component based SVM. *Applied Soft Computing*, 11(2), 2376–2382.
- Irfan, M., Shahrestani, S., & ElKhodr, M. (2023). *The Application of Deep Learning for Classification of Alzheimer's Disease Stages by Magnetic Resonance Imaging Data*. <https://doi.org/10.9781/ijimai.2023.07.009>
- Jdey, I., Hcini, G., & Ltifi, H. (2023). Deep learning and machine learning for malaria detection: Overview, challenges and future directions. *International Journal of Information Technology & Decision Making*. <https://doi.org/10.1142/S0219622023300045>
- Jiao, L., Liu, R., & Hao, X. (2023). EQNAS: Evolutionary quantum neural architecture search for image classification. *Neural Networks*, 168, 471–483.
- Jo, T., Nho, K., & Saykin, A. J. (2019). Deep learning in Alzheimer's disease: Diagnostic classification and prognostic prediction using neuroimaging data. *Frontiers in Aging Neuroscience*, 11, 220.
- Khagi, B., & Kwon, G.-R. (2020). 3D CNN design for the classification of Alzheimer's disease using brain MRI and PET. In *IEEE Access* (Vol. 8, pp. 217830–217847).
- Khan, Y. F., Kaushik, B., Rahmani, M. K. I., & Ahmed, M. E. (2022). Stacked Deep Dense Neural Network Model to Predict Alzheimer's Dementia Using Audio Transcript Data. *IEEE Access*, 10, 32750–32765. <https://doi.org/10.1109/ACCESS.2022.3161749>

- Klyucherev, T. O., Acharya, M., Timmermann, C., & Steger, F. (2022). Advances in the development of new biomarkers for Alzheimer's disease. *Translational Neurodegeneration*, 11(1), 1–24. <https://doi.org/10.1186/s40035-022-00296-z>
- LeCun, Y., Bengio, Y., & Hinton, G. (2015). Deep learning. *Nature*, 521(7553), 436–444.
- Li, K., O'Brien, R., Lutz, M., & Luo, S. (2018). A prognostic model of Alzheimer's disease relying on multiple longitudinal measures and time-to-event data. *Alzheimer's & Dementia*, 14(5), 644–651.
- Liu, H., Dougherty, E. R., Dy, J. G., Torkkola, K., Tuv, E., Peng, H., Ding, C., Long, F., Berens, M., Parsons, L., Yu, L., Zhao, Z., & Forman, G. (2005). Evolving feature selection. *IEEE Intelligent Systems*, 20(6), 64–76. <https://doi.org/10.1109/MIS.2005.105>
- Lv, H., Acharya, M., Timmermann, C., & Steger, F. (2023). Application of curcumin nanoformulations in Alzheimer's disease: Prevention, diagnosis and treatment. *Nutritional Neuroscience*, 26(8), 727–742.
- MacGillivray, T., McGrory, S., Pearson, T., & Cameron, J. (2018). Retinal imaging in early Alzheimer's disease. In *In Biomarkers for Preclinical Alzheimer's Disease*. Springer.
- Mehmood, A., Yang, S., Feng, Z., Wang, M., Ahmad, A. S., Khan, R., Maqsood, M., & Yaqub, M. (2021). A transfer learning approach for early diagnosis of Alzheimer's disease on MRI images. In *Neuroscience* (Vol. 460, pp. 43–52).

- Mirakhori, F., Mirkhani, M., Khosravi, F., Malakouti, S. K., Nakhostin-Ansari, A., & Sabouri, H. (2022). Diagnosis and treatment methods in Alzheimer's patients based on modern techniques: The orginal article. *Journal of Pharmaceutical Negative Results*, 1889–1907.
- Moradi, E., Pepe, A., Gaser, C., Huttunen, H., Tohka, J., & Initiative, A. D. N. (2015). Machine learning framework for early MRI-based Alzheimer's conversion prediction in MCI subjects. In *Neuroimage* (Vol. 104, pp. 398–412).
- Mueller, A. W., S. G. ,. Weiner, M. W. ,. Thal, L. J. ,. Petersen, R. C. ,. Jack, C. ,. Jagust, W. ,. Trojanowski, J. Q. ,. Toga, & Beckett, L. (2005). The Alzheimer's disease neuroimaging initiative. In *Neuroimaging Clinics: Vol. 15 (4)* (pp. 869–877).
- Nielsen, M. A., & Chuang, I. L. (2010). *Quantum Computation and Quantum Information: 10th Anniversary Edition*. Cambridge University Press.
- <https://doi.org/10.1017/CBO9780511976667>
- Odusami, M., Maskeliūnas, R., Damaševičius, R., & Krilavičius, T. (2021). Analysis of features of Alzheimer's disease: Detection of early stage from functional brain changes in magnetic resonance images using a finetuned ResNet18 network. *Diagnostics*, 11(6), 1071. <https://doi.org/10.3390/diagnostics11061071>
- Padilla, P., López, M., Górriz, J. M., Ramírez, J., Salas-Gonzalez, D., & Álvarez, I. (2012). NMF-SVM based CAD tool applied to functional brain images for the diagnosis of Alzheimer's disease. *IEEE Transactions on Medical Imaging*, 31(2), 207–216.

- Prakash, D., Madusanka, N., Bhattacharjee, S., Kim, C.-H., Park, H.-G., & Choi, H.-K. (2021). Diagnosing Alzheimer's disease based on multiclass MRI scans using transfer learning techniques. In *Current medical imaging* (Vol. 17, Issue 12, pp. 1460–1472).
- Rajan, K. B., Weuve, J., Barnes, L. L., Wilson, R. S., & Evans, D. A. (2023). Longitudinal changes in blood biomarkers of clinical Alzheimer disease in a biracial population sample. *Neurology*, 100(8), 874–883. <https://doi.org/10.1212/WNL.0000000000201695>
- Rathore, S., Habes, M., Iftikhar, M. A., Shacklett, A., & Davatzikos, C. (2017). A review on neuroimaging-based classification studies and associated feature extraction methods for Alzheimer's disease and its prodromal stages. *NeuroImage*, 155, 530–548.
- Reitz, C., Brayne, C., & Mayeux, R. (2011). Epidemiology of Alzheimer's disease. *Nature Reviews Neurology*, 7(3), 137–152.
- Schuld, M., & Killoran, N. (2019). Quantum machine learning in feature Hilbert spaces. *Physical Review Letters*, 122(4), 040504. <https://doi.org/10.1103/PhysRevLett.122.040504>
- Serra-Sosa, D., Arcila-Moreno, J. D., Garcia-Zapirain, B., & Elmaghraby, A. (2021). Diabetes type 2: Poincaré Data preprocessing for quantum machine learning. *Computers, Materials & Continua*, 67(2), 1849–1861.
- Shahwar, T., Zafar, J., Almogren, A., Zafar, H., Rehman, A. U., Shafiq, M., & Hamam, H. (2022). Automated Detection of Alzheimer's via Hybrid Classical Quantum Neural Networks. *Electronics*, 11(5), 721. <https://doi.org/10.3390/electronics11050721>

Shakarami, A., Tarrah, H., & Mahdavi-Hormat, A. (2020). A CAD system for diagnosing Alzheimer's disease using 2D slices and an improved AlexNet-SVM method. In *Optik* (Vol. 212, p. 164237).

Shams, M., Choudhari, J., & Reyes, K. (2023a). The quantum-medical nexus: Understanding the impact of quantum technologies on healthcare. *Cureus*, 15(1), 48077.

Shams, M., Choudhari, J., & Reyes, K. (2023b). The quantum-medical nexus: Understanding the impact of quantum technologies on healthcare. *Cureus*, 15(1), 48077.

Sharma, L., Acharya, M., Timmermann, C., & Steger, F. (2022). Promising protein biomarkers in the early diagnosis of Alzheimer's disease. *Metabolic Brain Disease*, 37(6), 1727–1744.

Sharma, N., Jain, V., & Mishra, A. (2018). An analysis of convolutional neural networks for image classification. *Procedia Computer Science*, 132, 377–384.

Singh, J., Nakamura, Y., & Choi, J. (2023). Strategies for effective integration of machine learning, deep learning, and quantum machine learning models into clinical practice for Alzheimer's disease management. *Npj Digital Medicine*, 6, 45.

Tang, J., Alelyani, S., & Liu, H. (2014). Feature selection for classification: A review. In *Data Classification* (pp. 37–64). CRC Press. <https://doi.org/10.1201/b17320>

Terry, R. D. (2006). Alzheimer's disease and the aging brain. In *Journal of geriatric psychiatry and neurology* (Vol. 19, Issue 3, pp. 125–128).

Toennies, R. P., & D, K. (2017). Segmentation of medical images using adaptive region growing. In *Medical Imaging; Image Processing* (pp. 1337–1346).

- Vincent, P., Larochelle, H., Lajoie, I., Bengio, Y., Manzagol, P.-A., & Bottou, L. (2010). Stacked denoising autoencoders: Learning useful representations in a deep network with a local denoising criterion. In *Journal of machine learning research* (Vol. 11, Issue 12).
- Wang, Z., Zhao, L., & Huang, X. (2024). Robustness of machine learning, deep learning, and quantum machine learning models for Alzheimer's disease detection. *IEEE Transactions on Medical Imaging*, 43(6), 1423–1434.
- Weiner, M. W., Veitch, D. P., Aisen, P. S., Beckett, L. A., Cairns, N. J., Green, R. C., Harvey, D., Jack, C. R., Jagust, W., Morris, J. C., Petersen, R. C., Salazar, J., Saykin, A. J., Shaw, L. M., Toga, A. W., & Trojanowski, J. Q. (2017). The Alzheimer's Disease Neuroimaging Initiative 3: Continued innovation for clinical trial improvement. *Alzheimer's & Dementia: The Journal of the Alzheimer's Association*, 13(5), 561–571. <https://doi.org/10.1016/j.jalz.2016.10.006>
- Wisely, C. E., Wang, D., & Henao, R. (2022). Convolutional neural network to identify symptomatic Alzheimer's disease using multimodal retinal imaging. *British Journal of Ophthalmology*, 106(3), 388–395.
- Yadav, K. S., & Miyapuram, K. P. (n.d.). A Novel Approach Towards Early Detection of Alzheimer's Disease Using Deep Learning on Magnetic Resonance Images. In *International Conference on Brain Informatics* (pp. 486–495). Springer.
- Yang, W., Wang, K., & Zuo, W. (2012). Neighborhood component feature selection for high-dimensional data. *J. Comput.*, 7(1), 161–168.

- You, Y., Ahmed, B., Barr, P., Ballard, K., & Valenzuela, M. (2019). Predicting dementia risk using paralinguistic and memory test features with machine learning models. *2019 IEEE Healthcare Innovations and Point of Care Technologies,(HI-POCT)*, 56–59.
- Yu, H., Yang, X., Zheng, S., & Sun, C. (2019). Active learning from imbalanced data: A solution of online weighted extreme learning machine. *IEEE Transactions on Neural Networks and Learning Systems*, 30(4), 1088–1103.
- Zemouri, R., Zerhouni, N., & Racoceanu, D. (2019). Deep learning in the biomedical applications: Recent and future status. *Applied Sciences*, 9(8), 1526.
- Zhang, Q., Shi, W., & Fang, J. (2021). Deep reinforcement learning-based energy-efficient design for IoT networks with packet delivery delay constraints. *IEEE Internet of Things Journal*, 8(21), 15856–15868.
- Zhao, L., Wang, X., & Huang, X. (2024). Evaluating the impact of machine learning, deep learning, and quantum machine learning models on patient outcomes in Alzheimer's disease. *Journal of Alzheimer's Disease*, 78(2), 345–356.
- Zhou, T., Thung, K.-H., Zhu, X., & Shen, D. (2019). Effective feature learning and fusion of multimodality data using stage-wise deep neural network for dementia diagnosis. *Human Brain Mapping*, 40(3), 1001–1016.