



الجمهورية الجزائرية الديمقراطية الشعبية  
République Algérienne Démocratique Et Populaire  
وزارة التعليم العالي والبحث العلمي  
Ministère De L'enseignement Supérieur Et De La Recherche Scientifique



Université Constantine 1 Frères Mentouri  
Faculté des Sciences de la Nature et de la Vie

جامعة قسنطينة 1 الإخوة منتوري  
كلية علوم الطبيعة والحياة

Département : Biologie Appliquée

قسم: البيولوجيا التطبيقية

Mémoire présenté en vue de l'obtention du Diplôme de Master

Domaine : Sciences de la Nature et de la Vie

Filière : Biotechnologies

Spécialité : Bioinformatique

N° d'ordre :

N° de série :

Intitulé :

---

Méthode d'apprentissage profond pour la prédiction computationnelle des maladies du maïs

---

Présenté par : REZKA Zin El Abidine

Le : 10/06/2024

BOUNEMER Abdel Moundji

OUAMEUR Rami Chakib

Jury d'évaluation :

Président: Dr.BENSAADA Mostafa, université Constantine 1.

Encadrant :Dr.GHERBOUDJAmira, université Constantine 1.

Examineur:Dr.CEHILI Hamza, université Constantine 1.

Année universitaire  
2023 - 2024

## **Remerciement**

*Tout d'abord, nous exprimons notre gratitude à **Dieu** Tout-Puissant d'avoir pris soin de nous et de nous avoir guidés pour surmonter les difficultés auxquelles nous avons été confrontés, ainsi que pour la force et la détermination qu'il nous a données pour accomplir ce travail avec succès.*

*Nous souhaitons exprimer notre profonde gratitude envers tous les enseignants qui nous ont accompagnés tout au long de notre parcours universitaire. Plus spécifiquement, nous tenons à exprimer notre sincère gratitude envers **Mme Dr GHERBOUDJAmira**. Grâce à son soutien inébranlable, sa patience, sa rigueur académique et sa disponibilité, ce mémoire a été rendu possible.*

*Nous exprimons également notre gratitude envers le **Mlle ABDELAZIZ Aya** pour ses conseils et suggestions précieux, qui ont considérablement enrichi notre réflexion et amélioré la structure de notre travail.*

*Nous exprimons notre gratitude sincère à Monsieur le doctorant **BEN DAHMANE Abdelhafedh** pour sa disponibilité constante et son soutien infaillible. Monsieur **BEN DAHMANE** a réussi à répondre à nos multiples questions, à échanger sur nos idées et à nous donner des conseils avisés qui ont amélioré notre méthode. Notre équipe a été constamment inspirée par sa passion pour la bio-informatique.*

*Nous remercions les membres du jury, notamment le Président du jury, Dr. **BENSAADA Mostafa**, et l'Examineur, Dr. **CHEHILI Hamza**, pour l'honneur qu'ils nous accordent en évaluant cette collaboration.*

*Nos amis et notre famille, dont le soutien et les encouragements ont été d'une valeur inestimable tout au long de ce projet, restent à notre esprit. Ce mémoire a été rendu possible grâce à leur présence et à leur soutien moral.*

*Enfin, nous exprimons notre gratitude sincère envers tous ceux qui, de près ou de loin, ont apporté leur contribution à la réalisation de cette tâche.*

# Dédicace

*Je tiens à exprimer ma profonde gratitude en dédiant ce travail à plusieurs personnes qui ont joué un rôle important dans mon parcours académique et personnel.*

*Tout d'abord, **chers parents.***

*L'amour inconditionnel, l'éducation bienveillante et le sacrifice altruiste de mes parents ont été les piliers de mon éducation et de mon développement.*

*Leur soutien constant, leurs encouragements et leur confiance en moi m'ont donné la force et la motivation pour continuer à étudier malgré les difficultés.*

*À mes **chers frères.***

*DIDI et YASMINE, dont la présence et le soutien ont été une source de réconfort et de motivation tout au long de ce cheminement.*

*Votre soutien et vos encouragements inconditionnels ont été pour moi un véritable soutien spirituel.*

*Je voudrais également consacrer une partie de ce mémoire à mon **beau-frère MOUNIR** qui a ajouté une dimension supplémentaire à ma vie grâce à son soutien, sa sagesse et ses encouragements indéfectibles. Sa présence amicale et son soutien inconditionnel ont été pour moi une source de force et d'inspiration.*

*À **mes amis**, qui ont été mes compagnons de route, mes confidents et mes partenaires dans les moments de joie et de difficulté. Votre amitié, votre soutien et votre camaraderie m'ont permis de traverser les hauts et les bas de cette aventure avec optimisme et détermination.*

*Enfin, j'aimerais remercier notre **encadrante***

*et mes **professeurs** pour leur sagesse, leur expertise et leurs précieux conseils qui ont façonné ma réflexion, élargi mes horizons et inspiré ma passion pour l'apprentissage. Ses enseignements ont été une source de lumière et d'inspiration tout au long de mon parcours universitaire.*

*Je voudrais exprimer ma profonde gratitude et mon appréciation à chacune de ces personnes pour leur contribution à ma vie et au succès de cette thèse.*

*Avec toute ma sincérité,*

**REZKA ZIN EL ABIDINE**

# *Dédicace*

*Je tiens à exprimer ma profonde gratitude en dédiant ce travail à plusieurs personnes qui ont joué un rôle important dans mon parcours académique et personnel.*

*Tout d'abord, **chers parents**.*

*L'amour inconditionnel, l'éducation bienveillante et le sacrifice altruiste de mes parents ont été les piliers de mon éducation et de mon développement.*

*Leur soutien constant, leurs encouragements et leur confiance en moi m'ont donné la force et la motivation pour continuer à étudier malgré les difficultés.*

*À mon frère **Amine***

*Dont la présence et le soutien ont été une source de réconfort et de motivation tout au long de ce chemin.*

*Votre soutien et vos encouragements inconditionnels ont été pour moi un véritable soutien spirituel.*

*À **mes amis**, qui ont été mes compagnons de route, mes confidents et mes partenaires dans les moments de joie et de difficulté. Votre amitié, votre soutien et votre camaraderie m'ont permis de traverser les hauts et les bas de cette aventure avec optimisme et détermination.*

*Enfin, j'aimerais **mes professeurs** pour leur sagesse, leur expertise et leurs précieux conseils qui ont façonné ma réflexion, élargi mes horizons et inspiré ma passion pour l'apprentissage. Ses enseignements ont été une source de lumière et d'inspiration tout au long de mon parcours universitaire.*

*Je voudrais exprimer ma profonde gratitude et mon appréciation à chacune de ces personnes pour leur contribution à ma vie et au succès de cette thèse.*

*Avec toute ma sincérité,*

**BOUNEMER ABDEL MOUNDJI**

*En mémoire de mon père Farid, qui nous a quittés il y a 3 ans, je prie Dieu de l'accueillir dans son vaste paradis. Je suis honorée d'être votre fils et je suis infiniment reconnaissant pour les sacrifices que vous avez consentis pour mon éducation.*

# *Dédicace*

*Je dédie également ce travail à ma mère. Votre amour inconditionnel, vos encouragements constants et votre soutien inébranlable ont été les piliers de ma vie. Votre présence bienveillante et votre dévouement ont été essentiels pour surmonter les défis et persévérer dans mes études.*

*Je tiens à exprimer ma gratitude et à dédicacer ce travail à ma sœur et je lui souhaite beaucoup de succès et de réussite dans sa vie et aussi à toute ma famille, avec une mention particulière à mes cousins Moundji et Housseem. Pour tous Mes amis, vous avez été précieux dans mon parcours.*

*Je tiens également à remercier mes collègues, Zin El Abidine et Moundji, avec qui j'ai pu réaliser un projet dont nous sommes fières.*

*Je tiens à remercier chaleureusement notre encadrante, Mme Dr Amira GHERBOUDJ, pour ses précieux conseils, son écoute active et sa disponibilité constante. Je voudrais également exprimer ma profonde gratitude à M. Hafed et à Mm ABDELAZIZ Aya.*

*Enfin, à mes professeurs de Bioinformatique, spécialement. Leur expertise, leur enseignement de qualité et leur accompagnement dans ma formation en Bioinformatique ont été d'une valeur inestimable. Leurs connaissances et leurs conseils précieux ont grandement contribué à mon apprentissage.*

*Avec toute ma sincérité,*

**OuameurRami Chakib**

## RÉSUMÉ

L'idée de cette étude repose sur l'utilisation de méthodes d'intelligence artificielle pour prédire certaines maladies du maïs, à l'aide de deux approches. La première approche utilise des images et la seconde des séquences protéiques en appliquant la méthode CNN (Convolutional Neural Network). Le modèle basé sur les images a atteint une précision de 92 %, tandis que le modèle basé sur les séquences protéiques a atteint une précision de 98 % pour prédire la maladie du maïs. Cette étude met en évidence le développement de l'intelligence artificielle et le rôle du domaine de la bio-informatique dans l'amélioration de l'agriculture et la compréhension des maladies spécifiques du maïs. Les résultats obtenus ouvrent la voie à de futures recherches visant à intégrer davantage d'outils d'intelligence artificielle pour optimiser la gestion des cultures.

**Mots clés :** Intelligence Artificielle, prédiction, maïs, méthode Convolutional Neural Network (CNN), images, bioinformatique, séquences protéiques, l'apprentissage profond.

## ABSTRACT

The idea of this study is based on the use of artificial intelligence methods to predict certain corn diseases, using two approaches. The first approach uses images and the second uses protein sequences by applying the CNN (Convolutional Neural Network) method. The image-based model achieved 92% accuracy, while the protein sequence-based model achieved 98% accuracy in predicting maize disease. This study highlights the development of artificial intelligence and the role of the field of bioinformatics in improving agriculture and understanding specific corn diseases. The results obtained pave the way for future research aimed at integrating more artificial intelligence tools to optimize crop management.

**Keywords:** Artificial Intelligence, prediction, corn, CNN method, images, bioinformatics, protein sequences, Deep learning.

تعتمد فكرة هذه الدراسة على استخدام طرق الذكاء الاصطناعي للتنبؤ ببعض أمراض الذرة وذلك باستخدام منهجين. يستخدم النهج الأول الصور والثاني يستخدم تسلسلات البروتين من خلال تطبيق طريقة CNN (الشبكة العصبية التلافيفية). حقق النموذج المعتمد على الصور دقة بنسبة 92%، في حين حقق النموذج المعتمد على تسلسل البروتين دقة بنسبة 98% في التنبؤ بمرض الذرة. تسلط هذه الدراسة الضوء على تطور الذكاء الاصطناعي ودور مجال المعلوماتية الحيوية في تحسين الزراعة وفهم أمراض الذرة المحددة. تمهد النتائج التي تم الحصول عليها الطريق لأبحاث مستقبلية تهدف إلى دمج المزيد من أدوات الذكاء الاصطناعي لتحسين إدارة المحاصيل.

**الكلمات المفتاحية:** الذكاء الاصطناعي، التنبؤ، الذرة، طريقة CNN، الصور، المعلوماتية الحيوية، تسلسل البروتين، التعلم العميق.

## LISTES DES FIGURES

<b>FIGURE 1 :</b> GROUPES DE RACES DE MAÏS D'IMPORTANCE ÉCONOMIQUE MONDIALE, D'APRÈS GOODMAN ET BROWN (7988) [3].	6
<b>FIGURE 2:</b> LA PROPAGATION DE LA MALADIE ROUILLE COMMUNE DU MAÏS DANS LA PLANTE DE MAÏS [49].	13
<b>FIGURE 3:</b> MANIFESTATIONS DE LA BRÛLURE DU MAÏS SUR LES FEUILLES [49].	14
<b>FIGURE 4:</b> PROPAGATION DE LA MALADIE : CERCOSPORIOSE DU MAÏS [49].	16
<b>FIGURE 5:</b> LE VIRUS DE LA STRIURE DU MAÏS [51].	18
<b>FIGURE 6:</b> TECHNIQUES DE L'INTELLIGENCE ARTIFICIELLE (AI).	22
<b>FIGURE 7:</b> SCHÉMA D'UN NEURONE INFORMATIQUE SUPERPOSÉ À UN SCHÉMA DE NEURONE BIOLOGIQUE [25].	24
<b>FIGURE 8 :</b> STRUCTURE DE BASE DES DNN AVEC UNITÉS D'ENTRÉE (x), TROIS UNITÉS CACHÉES h1, h2, h3 [27].	26
<b>FIGURE 9:</b> ANALYSE DE LA PERFORMANCE DE L'ALGORITHME DE DESCENTE DE GRADIENT [50].	27
<b>FIGURE 10:</b> NOMBRE APPROXIMATIF D'ARTICLES PUBLIÉS SUR L'APPRENTISSAGE PROFOND ET L'APPRENTISSAGE PROFOND DANS LA BIO-INFORMATIQUE PAR ANNÉE [27].	29
<b>FIGURE 11:</b> ÉTAPES DE LA MÉTHODE D'APPRENTISSAGE PROFOND [31].	30
<b>FIGURE 12:</b> APPLICATION DE L'APPRENTISSAGE PROFOND À LA RECHERCHE EN BIO-INFORMATIQUE [27].	31
<b>FIGURE 13:</b> LES CADRES D'APPRENTISSAGE PROFOND EXISTANTS EN COMPARANT QUATRE SOLUTIONS LOGICIELLES LARGEMENT UTILISÉES [32].	33
<b>FIGURE 14:</b> ÉTAPES DES MODÈLES PROPOSÉS.	41
<b>FIGURE 15:</b> L'IMPORTATION DES MODULES NÉCESSAIRE.	42
<b>FIGURE 16:</b> TÉLÉCHARGEMENT ET EXTRACTION DES DONNÉES.	43
<b>FIGURE 17:</b> CONFIGURATION DE L'ENVIRONNEMENT TENSORFLOW ET DES PARAMÈTRES DE TRAITEMENT D'IMAGES.	43
<b>FIGURE 18:</b> LES BIBLIOTHÈQUES UTILISÉES.	44
<b>FIGURE 19:</b> NETTOYAGE DES DONNÉES.	45
<b>FIGURE 20:</b> CONTENU DU DATA SET.	46
<b>FIGURE 21:</b> CONSTRUCTION ET COMPILATION DU MODÈLE CNN POUR LA CLASSIFICATION D'IMAGES DE MAÏS.	46
<b>FIGURE 22:</b> LE RÉSUMÉ DU MODÈLE.	48
<b>FIGURE 23:</b> CONSTRUCTION DU MODEL.	49
<b>FIGURE 24:</b> VISUALISATION DES IMAGES DU JEU DE DONNÉES.	49
<b>FIGURE 25:</b> APERÇU DES IMAGES ET ÉTIQUETTES DU JEU DE DONNÉES.	50
<b>FIGURE 26:</b> L'HISTORIQUE INFORMATIF RÉSULTANT DE LA PHASE D'ENTRAÎNEMENT D'IMAGES.	51
<b>FIGURE 27:</b> L'HISTORIQUE INFORMATIF RÉSULTANT DE LA PHASE D'ENTRAÎNEMENT DE SÉQUENCES.	51
<b>FIGURE 28:</b> DÉBUT DU CODE HTML.	52
<b>FIGURE 29:</b> PARTIE DU CSS.	53
<b>FIGURE 30:</b> JAVASCRIPT.	53
<b>FIGURE 31:</b> LES FICHIERS CONNECTÉS AVEC DJANGO ET L'ACTIVATION.	54
<b>FIGURE 32:</b> LES DEUX INTERFACES.	55
<b>FIGURE 33:</b> DIAGRAMME DE PERTE (TRAINING LOSS ET VALIDATION LOSS).	55
<b>FIGURE 34:</b> DIAGRAMME DE PRÉCISION (TRAINING ACCURACY ET VALIDATION ACCURACY).	56
<b>FIGURE 35:</b> IMAGE CLASSIFIÉE COMME "HEALTHY" PAR LE MODÈLE.	57
<b>FIGURE 36:</b> PRÉDICTIONS DU MODÈLE SUR UN ÉCHANTILLON D'IMAGES DE TEST.	57
<b>FIGURE 37:</b> MATRICE DE CONFUSION D'IMAGE.	59
<b>FIGURE 39:</b> MATRICE DE CONFUSION DES SÉQUENCES.	60
<b>FIGURE 40:</b> RÉSULTAT DE LA PRÉDICTION D'IMAGE.	61
<b>FIGURE 41:</b> METTEZ LA SÉQUENCE POUR LA PRÉDICTION.	62
<b>FIGURE 42:</b> RÉSULTAT DE LA PRÉDICTION DE SÉQUENCE.	62

## **LISTE DES TABLEAUX**

<b>TABLE 1:</b> LA CLASSIFICATION TAXONOMIQUE DU MAÏS [48].	8
<b>TABLE 2:</b> COMPOSITION CHIMIQUES DU MAÏS [2].	9
<b>TABLE 3:</b> UN TABLEAU MONTRANT LA CAUSE, LA LOCALISATION DE LA MALADIE ET SES SYMPTÔMES.	17
<b>TABLE 4:</b> INFORMATIONS SUR LES DONNÉES IMAGES UTILISÉES.	37
<b>TABLE 5:</b> LES CARACTÉRISTIQUES DE L'ORDINATEUR UTILISÉ POUR L'APPRENTISSAGE.	38
<b>TABLE 6:</b> LES BIBLIOTHÈQUES UTILISÉES.	40
<b>TABLE 7:</b> LES VALEURS DES PARAMÈTRES UTILISÉS.	58
<b>TABLE 8:</b> COMPARAISON DU NOTRE TRAVAIL AVEC D'AUTRE MÉTHODE DE PRÉDICTION.	64

## ACRONYMES

- ✓ **ADN**: Acide désoxyribonucléique.
- ✓ **ARNm**: Acide Ribonucléique message.
- ✓ **B**: Le bore.
- ✓ **CaO**: Oxyde de calcium.
- ✓ **CNN** : Réseaux de neurones convolutionnels.

- ✓ **CP:**Protéine de capside.
- ✓ **CSS:** Cascading Style Sheets.
- ✓ **Cu:**Cuivre.
- ✓ **ECG:**Electrocardiograms.
- ✓ **FASTA:**Fast All Sequences Technique.
- ✓ **FN:** Faux négatifs.
- ✓ **GAN :** Réseaux de neurones génératifs.
- ✓ **GO:**GigaOctet.
- ✓ **GPU:** Graphics Processing Unit.
- ✓ **HTML :**HyperText Markup Language
- ✓ **IRM :** Imagerie par Résonance Magnétique.
- ✓ **JS:**JavaScript.
- ✓ **K2O:**Oxyde de potassium.
- ✓ **Kcal:** Kilocalorie.
- ✓ **Kg/ha :**Kilogrammes par hectare.
- ✓ **LIR:**Régionintergénique longue.
- ✓ **LuaJIT:**Just In Time.
- ✓ **MB:**Mégabyte.
- ✓ **MgO:**Oxyde de magnesium.
- ✓ **Mn:**Manganèse.

- ✓ **MP**:Protéine de mouvement.
- ✓ **MSV** :Maize streak virus
- ✓ **P2O5** :Pentoxyde de phosphore.
- ✓ **QTL**: Quantitative Trait Loci.
- ✓ **RAM**: Random Access Memory.
- ✓ **Rep**:Réplication.
- ✓ **RNN**:Réseaux de neurones.
- ✓ **RNNs** : Réseaux de Neurones Récurrents.
- ✓ **ROM**:Read-Only Memory.
- ✓ **SO3** :Trioxyde de soufre.
- ✓ **SS**: Single-Stranded.
- ✓ **SSD**:Solid-State Drive.
- ✓ **TEP** :Tomographie par Émission de Positons.
- ✓ **TPU**: Tensor Processing Unit.
- ✓ **UNIPROT**:Universal Protein Resource.
- ✓ **VP**:Vraispositifs.
- ✓ **ZN**: Zinc.

# TABLE DES MATIÈRES

<i>Remerciement</i>	ii
RÉSUMÉ	v
LISTES DES FIGURES	viii
LISTE DES TABLEAUX	x
ACRONYMES	xi
Introduction Générale	2

## **Chapitre 01 : Un regard approfondi sur le maïs**

---

1. Introduction	5
2. Origine et histoire de la culture du maïs	6
3. Classification taxonomique	8
4. Les Besoins minérales du maïs	8
5. Composition du grain de maïs	9
6. L'importance génétique du maïs	9
7. Maladies du maïs	10
7.1 La fusariose du maïs	10
7.2 Le mildiou maïs	11
7.3 Helminthosporiose maïs	11
7.4 Haut du formulaire la Rhizoctone du maïs	11
7.5 L'antracnose du maïs	12
7.6 Le charbon du maïs	12
8. Les maladies abordées	13
8.1 Rouille Commune du maïs	13
8.2 Brûlure du maïs	14
8.3 Tache grise du maïs	15
8.4 Virus de la striure du maïs	18
9. Description systématique et morphologique	19

## **Chapitre 02 : Technique d'apprentissage profond**

---

1. Introduction	21
2. Technique de l'intelligence artificielle	21
3. L'apprentissage profond VS L'apprentissage automatique	23
4. Historique d'apprentissage profond	23
5. Le principe d'apprentissage profond	24
6. Structure des systèmes	25

6.1	Couches d'entrée	25
6.2	Couches cachées	25
6.3	Couches de sortie	25
7.	La descente de gradient	26
7.1	Le fonctionnement de cette descente	27
8.	L'apprentissage profond dans la bio-informatique	28
9.	Techniques de l'apprentissage profond	29
9.1	Réseaux de neurones convolutionnels (CNN)	29
9.2	Réseaux de neurones récurrents (RNN)	30
9.3	Réseaux de neurones génératifs (GAN)	30
9.4	Réseaux de neurones siamois	30
10.	Application d'apprentissage profond dans la bio-informatique	31
10.1	La recherche en domaine des omiques	32
10.2	La recherche en imagerie biomédicale	32
10.3	La recherche en traitement du signal biomédical	32
11.	Frameworks d'apprentissage profond	33
12.	Les points fort et faible de l'apprentissage profond	34

### **Chapitre 03 : Contribution et étude expérimentale**

---

1.	Introduction	37
2.	Matériel	37
2.1	Données utilisés	37
2.2	Machine utilisé	38
2.3	Les outils	38
2.4	Bibliothèques	40
3.	Méthodes	41
3.1	Collection et traitement des donnés	42
3.1.1	Modèle de classification par image	42
3.1.2	Model de classification par séquence	44
3.2	Construction du modèle	46
3.2.1	Modèle de classification par image	46
3.2.2	Modèle de classification par séquence	48
3.3	Entraînement et validation du modèle	49
3.3.1	Modèle classification par image	49
3.3.2	Modèle de classification par séquence	51

3.4	Construction de l'Interface	52
3.5	L'interface	54
4.	Résultat	55
4.1	Modèle de classification par image	55
4.1.1	Diagramme de perte (Training Loss et Validation Loss)	55
4.1.2	Diagramme de précision (Training Accuracy et Validation Accuracy)	56
4.1.3	Prédiction d'Image à l'aide du Modèle Entraîné	57
4.1.4	Visualisation des prédictions sur un échantillon d'images de test	57
4.1.5	Matrice de confusion d'image	59
4.1.6	Matrice de confusion de séquence	60
4.2	La plateforme	61
5.	Discussion	63
Conclusion et Perspective		
.....		66
Références.....		69



# *Introduction Générale*



### Introduction Générale

Le maïs est une plante annuelle tropicale de la famille des Poacées, tout comme le blé et le riz. C'est une céréale très cultivée, utilisée pour l'alimentation humaine et animale. Le maïs est apprécié pour sa valeur nutritionnelle et sa richesse en divers nutriments, notamment des vitamines, des minéraux et des antioxydants. Il est aussi une source importante de nourriture pour le bétail, offrant une solution de stockage alimentaire durable. La sélection de variétés adaptées aux conditions de croissance locales peut améliorer les rendements.

Cependant, malgré tous ces avantages, le maïs est sensible à de nombreuses maladies dues à différentes causes, qui ont un impact négatif sur la culture du maïs agricole et sur sa valeur nutritionnelle. Les scientifiques devaient donc trouver des solutions pour aider les agriculteurs et améliorer leur produit agricole. Les anciennes analyses reposent sur des techniques génétiques ou chimiques pour déterminer l'état du maïs s'il est sain ou malade ce type d'analyse prend trop de temps et coûte trop cher. En période de développement et de prospérité, notamment dans le domaine de l'intelligence artificielle, plusieurs techniques sont désormais disponibles qui permettent aux agriculteurs et aux usines qui utilisent le maïs comme matière première, d'économiser le temps et les efforts nécessaires pour déterminer si le maïs est sain ou malade ainsi que de déterminer le type du stress par lequel la plante souffre. Certaines de ces technologies incluent le DeepLearning « DL » (Apprentissage Profond « AP » en langue française), qui permet de créer des logiciels capables d'apprendre automatiquement à partir de données telles que des photos ou des séquences de protéines pour prédire la maladie de la céréale. Cette technique permet d'obtenir des résultats plus objectifs et fiables.

Dans ce mémoire, nous proposons une solution innovante basée sur des techniques computationnelles présentée sous forme d'une plateforme qui permet aux utilisateurs de prédire les maladies du maïs à partir de photos et de séquences protéiques. En combinant les techniques d'intelligence artificielle, des langages de programmation ainsi que des techniques d'analyse de données basées sur l'expertise agricole, notre plateforme vise à relever les défis actuels dans la détection du stress chez le maïs. Notre objectif est de faciliter la détection précoce des maladies du maïs pour les agriculteurs, les professionnels du maïs et les organisations agricoles.

Notre manuscrit fournit une présentation détaillée du thème abordé. Il est organisé en trois chapitres :

Chapitre 1 : Le premier chapitre offre une analyse approfondie du maïs, commençant par une introduction générale à cette céréale essentielle. Nous avons retracé l'origine et l'histoire de la culture du maïs, mettant en lumière son évolution et son impact sur les sociétés humaines. La classification taxonomique du maïs est également abordée, expliquant son positionnement dans le règne végétal. Ensuite, la composition du grain de maïs est détaillée, soulignant ses valeurs nutritionnelles. Les besoins minéraux du maïs sont explorés, précisant les éléments essentiels pour sa croissance optimale. L'importance génétique du maïs est discutée, montrant les avancées en matière de sélection et d'hybridation. Le chapitre se concentre sur les maladies affectant le maïs, avec une attention particulière aux principales maladies étudiées dans ce travail.

Chapitre 2 : Dans le deuxième chapitre nous avons exploré les techniques d'intelligence artificielle, en mettant l'accent sur la comparaison entre l'apprentissage profond et l'apprentissage automatique. Nous avons retracé l'historique de l'apprentissage profond en détaillant son principe et la structure des systèmes. Ensuite nous avons expliqué la méthode de descente de gradient et discuté des applications et techniques de l'apprentissage profond dans la bio-informatique. En fin nous avons examiné également les frameworks utilisés pour l'apprentissage profond et présente une analyse des points forts et faibles de cette technologie.

Chapitre 3 : Dans Le troisième chapitre nous avons détaillé notre contribution et compris les données utilisées, les modèles proposés et les résultats obtenus.



***Chapitre 01 : Un  
regard approfondi  
sur le maïs***



## 1. Introduction

Le maïs est une céréale assez grosse d'origine américaine qui est largement cultivée et utilisée pour l'alimentation humaine et animale en raison de sa granulométrie.

La plante entière (tige, feuilles, panicules) est utilisée comme aliment pour la consommation animale, ainsi que dans la production industrielle et comme ornement. Il possède la plus grande superficie cultivée ; s'étend sur 4 444 132 millions d'hectares depuis les latitudes 40 degrés sud en Argentine et en Afrique du Sud jusqu'aux latitudes 58 degrés nord au Canada et dans les Andes, il atteint son apogée à 4 000 mètres d'altitude ,il est très important pour l'alimentation humaine, directement ou indirectement, après le blé et le riz .

La production mondiale est d'environ 4 444,5 millions de tonnes par années et représentant plus de 45 % de cette production, les États-Unis se classent au premier rang des pays producteurs. Si la production a eu tendance à stagner dans les pays développés au cours de la dernière décennie, les pays en développement, notamment en Asie, ont connu une augmentation rapide de leur production[1].

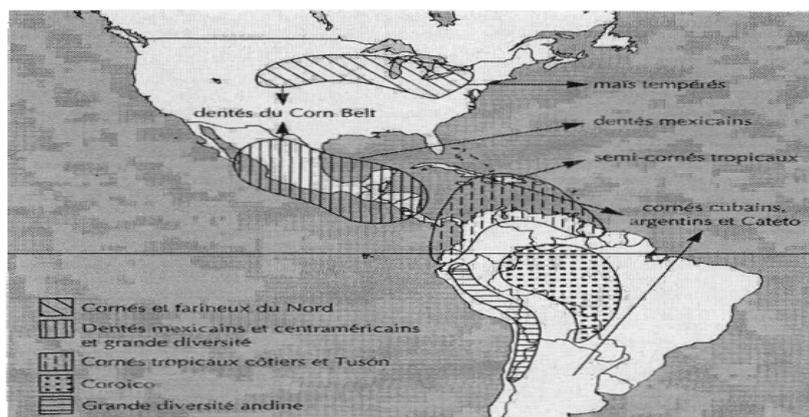
Dans ce chapitre, nous présentons une étude bibliographique sur le maïs :

- Origine et histoire de la culture du maïs.
- Classification taxonomique.
- Composition du grain de maïs.
- Les besoins minérales du maïs.
- L'importance génétique du maïs.
- Maladies du maïs.
- Les maladies abordées.
- Description systématique et morphologique.

## 2. Origine et histoire de la culture du maïs

Originnaire de l'Amérique centrale et du sud (Amérique méridionale) ; il a été découvert par les Européens pour la première fois en 1492 par Christophe Colomb et son équipage dans les Caraïbes ; il constituait l'aliment de base des peuples de ces régions pendant de nombreux siècles avant l'arrivée des Européens. La plante fut divinisée dans les anciennes civilisations d'Amérique centrale et méridionale, et était cultivée par les Nord-Amérindiens avec la courge et le haricot en utilisant la technique dite « des trois sœurs ». Christophe Colomb ramena de nombreuses plantes indigènes, dont des épis de maïs : sa culture commença au début du 16<sup>e</sup> siècle sur la péninsule ibérique. Au 18<sup>eme</sup> siècle le maïs était déjà une plante controversée grâce à ses avantages agronomiques, il a bénéficié d'une propagande très intensive de la part des classes scientifiques éclairées qui ont promu sa culture aux 17<sup>eme</sup> et 18<sup>emesiècles</sup>. Antoine Parmentier, pharmacien et agronome connu pour son goût pour la pomme de terre, écrivit, notamment en 1785, un traité sur le maïs ou le blé turc, qui fut très apprécié à tous égards.

Au 19<sup>eme</sup> siècle et 20<sup>eme</sup> siècle, il n'en reste pas moins que c'est grâce au maïs que les Français ont pu faire face aux nombreuses famines qui les ont frappés vers la fin du 18<sup>eme</sup> siècle, ce qui explique certainement le développement de la culture sur l'ensemble du territoire. « La superficie du maïs en France atteint ainsi près de 700 000 ha à son apogée vers 1850 », souligne Jean Beigbeder. Mais les progrès en matière de production ont été extrêmement lents. « Le rendement record en 1938 était de 18 quintaux par hectare, poursuit Jean-Paul Renoux. Un peu plus que les 10 à 12 quintaux récoltés au XVII<sup>ème</sup> siècle.



**Figure 1 :** Groupes de races de maïs d'importance économique mondiale, d'après GOODMAN et BROWN (1988) [3].

L'image ci-dessus illustre les différentes régions géographiques où se trouvent les groupes de races de maïs ayant une importance économique mondiale, selon GOODMAN et BROWN (1988). La carte se concentre principalement sur les Amériques et indique les zones de distribution des divers types de maïs.

Depuis l'exode rural qui a commencé à la fin du 19<sup>ème</sup> siècle jusqu'aux conséquences humaines de la Première Guerre mondiale, la communauté agricole a été confrontée au déplacement de main-d'œuvre. Cependant, avant cette époque, la culture du maïs demandait beaucoup de main-d'œuvre, utilisant uniquement des charrues pour labourer, désherber et empiler la terre... Bref, la plupart des opérations agricoles étaient réalisées manuellement.

Les habitudes alimentaires et de consommation évoluent progressivement. "Au fur et à mesure que la population urbaine devenait plus riche, les Français du 20<sup>ème</sup> siècle ont commencé à consommer du pain de blé et ont abandonné la consommation de porridge et de crêpes à base de céréales "de moindre qualité". Parce que c'est ainsi que le maïs est nommé dans l'atlas : une céréale régionale mineure.

Outre-Atlantique, il en va tout autrement aux États-Unis, en 1928, sur les 77 millions d'hectares de terres cultivées dans le monde, grâce à l'utilisation généralisée des hybrides F1 et des hybrides de lignée pure, on a développé 40 millions d'hectares de terres à haut rendement, augmentant ainsi la productivité agricole.

Dans ces dernières années les États-Unis produisent la majeure partie du maïs mondial, principalement dans les régions de la (Corn Belt) et des Grandes Plaines, représentant 32 % de la production de 2019. Même si sa part a diminué depuis 2013, elle reste le plus grand exportateur. En Chine, la production a augmenté, tirée par l'augmentation de la consommation de viande, représentant plus de 23 % de la production mondiale en 2019. Depuis 2016-2017, la Chine a également commencé à utiliser le maïs pour produire de l'éthanol et des bioplastiques. L'Europe, y compris l'Union européenne et l'Europe de l'Est, représente environ 12 % de la

production mondiale. Enfin, l'Amérique du Sud, notamment le Brésil, l'Argentine et le Mexique, produit 15 % du maïs mondial [4,5].

### 3. Classification taxonomique

La classification taxonomique est un système scientifique qui classe les organismes en groupes hiérarchiques en fonction de leurs caractéristiques biologiques et de leurs relations évolutives.

Le maïs (*Zea Mays*) appartient au règne végétal, voici le tableau suivant qui présente la classification du maïs :

**Table 1:** La classification taxonomique du maïs [48].

<b>Règne</b>	Plantae
<b>Division</b>	Magnoliophyta
<b>Classe</b>	Liliopsida
<b>Ordre</b>	Poales
<b>Famille</b>	Poaceae
<b>Sous famille</b>	Panicoideae
<b>Genre</b>	<i>Zea</i>
<b>Espèce</b>	<i>Zeamays</i>

### 4. Les Besoins minérales du maïs

Les besoins du maïs pour boucler son cycle sont approximativement les suivants : 240 Kg/ha pour l'azote, 90 Kg/ha pour le P<sub>2</sub>O<sub>5</sub>, 70 Kg/ha pour le K<sub>2</sub>O, 60 Kg/ha pour le CaO Kg/ha, 40 Kg/ha pour MgO, 65 Kg/ha pour SO<sub>3</sub>, 75 g/ha pour le B, 90 g/ha pour le Cu, 600 g/ha pour le Zn, et 1800 g/ha pour le Mn.

Chacun de ces éléments aura son rôle pour la culture et un apport optimum de ceux-ci contribuera à atteindre le meilleur rendement[2,6].

## 5. Composition du grain de maïs

Le maïs est intéressant comme aliment énergétique mais qu'il être complété dans l'alimentation humaine ou animale par des aliments riche en protéine et en sels minéraux. Le tableau suivant va définir les composants énergétique et minérale :

**Table 2:**Composition chimiques du maïs [2].

<b>Eau</b>	12
<b>énergie</b>	1,525kg-363kcal
<b>protéine</b>	10g
<b>lipides</b>	4.5g
<b>glucides</b>	71g
<b>Calcium</b>	12g
<b>Fer</b>	2.5g
<b>fibres</b>	2g
<b>Vitamine A</b>	0-600mg
<b>Vitamine B1</b>	0.35mg
<b>Vitamine B2</b>	0.13mg
<b>Acides nicotinique</b>	2mg
<b>Vitamine C</b>	0mg

## 6. L'importance génétique du maïs

Le génome du maïs est caractérisé par sa complexité : il est composé de 10 chromosomes hébergeant environ 50 000 jusqu'aux 60 000 gènes (soit environ le double du génome humain), présentant des duplications et une abondance de séquences répétées, notamment des rétro transposons. Les chercheurs ont adopté une approche visant à déchiffrer au moins partiellement cette séquence génomique [7].

Un important projet de cartographie a révélé la localisation chromosomique de 1454 gènes impliqués dans des caractères agronomiques essentiels du maïs, tels que la tolérance à la sécheresse. Cette avancée facilitera grandement l'identification des chromosomes, une étape incontournable dans la séquence en cours du génome complet du maïs. Dans le domaine végétal, la plupart des traits mesurables tels que la précocité, le rendement, la taille, la qualité des fruits, et autres, ne sont pas déterminés par l'expression d'un unique gène, mais sont plutôt régis par plusieurs régions chromosomiques, chacune portant un ou plusieurs gènes. Ces régions, désignées sous le terme de QTL (Quantitative Trait Loci ou Locus de Caractères Quantitatifs), jouent un rôle crucial en génétique des plantes. Les marqueurs génétiques associés à ces QTL permettent de sélectionner, parmi un grand nombre de plantes, celles qui présentent les caractéristiques les plus désirables, facilitant ainsi la création de nouveaux génotypes par des croisements sélectifs successifs [8].

## 7. Maladies du maïs

Les pertes de rendement et de qualité peuvent survenir en raison de troubles d'origine fongique, bactérienne, virale ou parasitaire. Dans le cas du maïs, ces problèmes peuvent être déclenchés par des agents pathogènes spécifiques ou par des conditions environnementales propices à leur développement. Les signes de ces maladies varient en fonction de l'agent pathogène, mais ils incluent souvent des manifestations telles que des taches, des altérations, des déformations, des zones de pourriture, des zones nécrosées et d'autres anomalies observables sur les parties aériennes et souterraines de la plante on trouve des maladies les quels :

### 7.1 La fusariose du maïs

La fusariose de l'épi du maïs est provoquée par des champignons appartenant à la famille des "Fusarium", qui se développent dans le sol et affectent les racines. Pour combattre cette maladie, il est recommandé d'utiliser des hybrides moins sensibles, de favoriser la rotation des cultures avec des plantes non hôtes telles que le soja, d'adopter un système de production permettant d'enfouir les résidus de cultures, de contrôler les insectes et de surveiller attentivement les plants au moment où le maïs commence à se développer pour repérer les signes de pourriture des épis. Les attaques sur les tiges sont le résultat d'infections au niveau des racines[9].

### 7.2 Le mildiou maïs

Chez le maïs, le mildiou se manifeste par une croissance désordonnée des organes de reproduction, tels que l'épi et la panicule. Cette maladie est encouragée par un surplus d'eau dans le sol, notamment la présence d'eau stagnante qui facilite le déplacement des zoospores mobiles vers le système racinaire, entraînant ainsi la contamination des plantes. Il y a des solutions naturelles très efficaces pour combattre et soigner le mildiou. Pour combattre et soigner le mildiou on doit baser sur la bouillie bordelaise qui constitue la seule méthode préventive vraiment efficace contre cette maladie. Il est important de l'appliquer régulièrement dès le début du printemps et pendant l'automne. Ce traitement doit être réalisé tout au long du cycle de croissance. Il est recommandé de l'appliquer à des intervalles réguliers, en moyenne toutes les deux semaines et après les périodes de pluie[10].

### 7.3 Helminthosporiose maïs

L'helminthosporiose du maïs est due à une infection par le champignon *Helminthosporium maydis*. Les signes typiques comprennent l'apparition de taches brun foncé à noires sur les feuilles, parfois entourées d'une bordure jaune ou blanche. Ces marques peuvent s'étendre à travers toute la plante, affectant ainsi sa capacité de photosynthèse et entraînant un affaiblissement général. Pour gérer cette maladie, il est conseillé de mettre en place des stratégies telles que la rotation des cultures, l'utilisation de semences résistantes, une gestion appropriée de l'irrigation pour éviter l'accumulation d'humidité, application ciblée de

fongicides si nécessaire, et l'élimination des résidus végétaux contaminés afin de limiter la propagation du pathogène dans les cultures ultérieures [11].

### 7.4 Haut du formulaire la Rhizoctone du maïs

Résulte de l'action du champignon *Rhizoctoniasolani*, qui infecte habituellement les racines et la base des plantes. Les signes caractéristiques englobent le flétrissement des jeunes pousses, des altérations brunâtres sur les racines et un collet détérioré, entraînant une croissance racinaire limitée et un développement médiocre des plantes. Diverses mesures de prévention et de traitement peuvent être adoptées pour contrer cette maladie. Il est primordial de choisir des variétés de maïs résistantes à la Rhizoctone et de mettre en œuvre une rotation des cultures afin de diminuer la présence du pathogène dans le sol. Une gestion appropriée de l'irrigation pour éviter les sols trop humides et des pratiques agronomiques favorisant le drainage peuvent aussi aider à prévenir l'infection. L'utilisation de semences saines et leur désinfection avant le semis peuvent limiter l'introduction du champignon dans les cultures. Dans les cas avérés d'infection, l'application de fongicides spécifiques peut être requise pour limiter la propagation de la maladie. Enfin, maintenir la santé des plantes grâce à une alimentation équilibrée et à des pratiques culturales adaptées contribuera à accroître la résistance des cultures à la Rhizoctone[12].

### 7.5 L'antracnose du maïs

L'antracnose du maïs est déclenchée par le champignon *Colletotrichumgraminicola*, souvent disséminé par les graines contaminées, les débris végétaux et les résidus de culture. Les signes caractéristiques incluent l'apparition de lésions nécrotiques sur les feuilles, les tiges et les épis de maïs, avec des zones brunâtres ou noires, souvent entourées d'un halo plus clair. Ces lésions peuvent évoluer en ulcères profonds, altérant la photosynthèse et affectant le rendement. Pour contrôler cette maladie, diverses mesures préventives et curatives peuvent être envisagées. Il est crucial de sélectionner des variétés de maïs résistantes à l'antracnose et d'appliquer une rotation des cultures pour réduire la pression pathogène dans le sol. Une gestion appropriée de l'irrigation pour éviter les sols humides et des pratiques culturales favorisant la circulation de l'air peuvent également aider à prévenir l'infection. Le recours à des semences saines et à leur traitement avant le semis peut limiter l'introduction du champignon dans les cultures. En cas d'infection avérée, l'application de fongicides spécifiques peut être

requis pour limiter la propagation de la maladie. Enfin, maintenir la santé des plantes grâce à une fertilisation équilibrée et à des pratiques culturales adaptées contribuera à renforcer la résistance des cultures à l'antracnose[13].

### 7.6 Le charbon du maïs

Le champignon *Ustilagomaydis* est responsable du charbon du maïs, se manifestant par la formation de pustules sombres sur les épis, entraînant des altérations visuelles et une baisse de rendement. Pour gérer cette maladie, il est primordial de privilégier des variétés de maïs résistantes et de pratiquer une rotation des cultures pour diminuer la présence du pathogène dans le sol, tout en assurant une irrigation adéquate pour éviter les excès d'humidité. Par ailleurs, l'élimination des résidus de culture contaminés peut freiner la propagation du champignon. En cas de forte infestation, l'application ciblée de fongicides peut s'avérer nécessaire pour minimiser les dégâts et protéger les cultures [14].

## 8. Les maladies abordées

Dans ce travail, nous nous concentrons sur les maladies suivantes :

### 8.1 Rouille Commune du maïs

- ✓ Définition : La Rouille Commune du maïs connue sous le nom de Common Rust en anglais est une maladie fongique, qui peut infecter le maïs « zeamays » et entraîner des pertes de rendement substantielles dans la production de maïs.
- ✓ La cause de cette maladie : un champignon pathogène « *Puccinia sorghi* ».
- ✓ Les symptômes : Cette maladie se manifeste par de petites taches brun rougeâtre sur les feuilles, qui se transforment ensuite en pustules brun doré, principalement présentes sur les surfaces supérieure et inférieure des feuilles. Contrairement à d'autres formes de rouille, les symptômes ne se propagent généralement pas aux autres parties de la plante, mais les tiges peuvent devenir molles et fragiles, Les feuilles les plus jeunes sont les plus vulnérables à l'infection [15, 16].



**Figure 2:** La propagation de la maladie rouille commune du maïs dans la plante de maïs [49].

- ✓ Prévention et traitement : La gestion des résidus de culture, notamment par le biais de l'assainissement, du travail du sol et de la rotation des cultures, joue un rôle crucial dans la prévention et la gestion de la rouille commune du maïs. L'enfouissement des débris de culture après la récolte peut réduire l'infection précoce en éliminant les sources potentielles d'inoculum fongique pour la saison suivante. De plus, la rotation des cultures peut aider à interrompre le cycle de vie du pathogène et réduire sa pression dans les champs de maïs. En cas d'infection confirmée, l'application d'un fongicide tel que le Dithane M-45 peut être nécessaire pour contrôler la propagation de la maladie. Il est recommandé de pulvériser le fongicide dès l'apparition des premières pustules, en utilisant une concentration de 2,5 à 4 grammes par litre d'eau. Dans les cas de forte infestation, trois pulvérisations à intervalles de 15 jours peuvent être nécessaires pour maîtriser efficacement la maladie et minimiser les pertes de rendement[16].

## 8.2 Brûlure du maïs

- ✓ Définition : La "maladie de la rouille du maïs", ou "corn blight" en anglais, est une affection fongique qui affecte le maïs, provoquant des lésions sur les feuilles qui ressemblent à de la rouille. Elle peut entraîner des réductions significatives du rendement et de la qualité du grain.
- ✓ La cause de cette maladie : un champignon pathogène « *Exserohilum turcicum* ».

- ✓ Les symptômes : Cette maladie se manifeste après la floraison et se limite aux feuilles. Les feuilles présentent des taches ou des lésions elliptiques de couleur vert grisâtre, mesurant entre 2 et 15 cm de long. Ces taches se fusionnent progressivement pour former de larges zones présentant un aspect brûlé. Dans certains cas, les feuilles peuvent se dessécher complètement, Lorsque le champignon produit des spores, des zones noires peuvent apparaître sur les taches. [16].



**Figure 3:** Manifestations de la Brûlure du Maïs sur les Feuilles [49].

- ✓ Prévention et traitement : De nombreuses mesures préventives et curatives peuvent être mises en œuvre. La rotation des cultures avec des légumineuses pour permettre la décomposition des résidus infectés et réduire la présence de champignons hivernants, ainsi que la destruction des débris de culture, est essentielle. Il est recommandé d'utiliser des hybrides résistants ou tolérants. Avant le semis, les graines peuvent être traitées avec Azospirillum et Trichoderma ou avec des fongicides tels que Thiram ou Capatn. Si des symptômes de la maladie apparaissent, une pulvérisation de mancozèbe, d'hexaconazole ou des fongicides combinés azoxystrobine et difenconazole peut être appliquée, suivie d'une répétition à intervalles de 15 jours pour contrôler également la tache foliaire de *Corvularia* [16].

### 8.3Tache grise du maïs

- ✓ Définition: La cercosporiose du maïs, également connue sous le nom de maladie des taches grises, est une infection fongique qui cible les feuilles de maïs. Elle peut entraîner des pertes de rendement significatives si elle n'est pas contrôlée efficacement.
  
- ✓ La cause de cette maladie : Causée par le champignon *Cercosporazeae-maydis*
  
- ✓ Les symptômes : Des symptômes typiques de la cercosporiose du maïs se manifestent sous forme de petites taches brunes ou brun rougeâtre sur les feuilles inférieures, accompagnées de zones jaunes chlorotiques. Initialement observées avant la floraison, ces lésions évoluent progressivement en taches grises sur les feuilles plus jeunes. Sous des conditions idéales pour la croissance du champignon, comme des températures chaudes et une humidité élevée ou prolongée, ces taches s'étendent pour couvrir toute la feuille, prenant une forme allongée et rectangulaire, parallèle aux nervures. Si cette propagation se produit avant le remplissage des grains, des pertes de rendement significatives peuvent survenir. Le dépérissement des feuilles peut affaiblir les plantes et parfois provoquer leur inclinaison [17].
  
- ✓ Prévention et traitement : Pour réduire les effets de la tache grise dans les zones à risque élevé, des stratégies préventives telles que l'utilisation de variétés de maïs moins sensibles, la rotation des cultures, la gestion des résidus de maïs et un travail du sol approprié sont recommandées. Une rotation des cultures d'au moins deux ans est conseillée pour les champs utilisant un travail du sol de conservation afin de réduire les niveaux d'inoculum.



**Figure 4:** Propagation de la Maladie : Cercosporiose du Maïs [49].

Le traitement de la tache grise implique l'utilisation de fongicides comme le Mancozèbe, l'Hexaconazole ou des combinaisons d'Azoxystrobine et de Difenconazole. Ces produits sont pulvérisés sur les plantes dès l'apparition des symptômes et répétés selon les besoins. Des pratiques agronomiques préventives telles que la rotation des cultures et la gestion des résidus de culture sont également recommandées pour réduire l'incidence de la maladie [18].

✓ Nous avons résumé les informations sur ces maladies dans le tableau suivant :

**Table 3:** Un tableau montrant la cause, la localisation de la maladie et ses symptômes.

La maladie	Causé par	Parties Infecté	Symptoms initial	Symptoms finale
------------	-----------	-----------------	------------------	-----------------

## Chapitre 01 : Un regard approfondi sur le maïs

Gray Leaf Spot	un champignon pathogène « Cercosporazeae-maydis»	Leaf (feuille)	À un stade précoce, les petites ovales à allongées lésions apparaissent sur les feuilles inférieures de la plante. La maladie lentement se remplit jusqu'à la partie supérieure des feuilles de la plante.	Les lésions augmentent graduellement à environ un pouce de long avec des bordures brun rougeâtre ou jaune-orange et centre bronzé. Les lésions se combinent à et l'ensemble de la feuille devient Gâchée.
Common Rust	un champignon pathogène « Puccinia sorghi »	Leaf (feuille)	La feuille se développe avec multiples petits rouges mouchetures qui évoluent graduellement vers un petit, beige, légèrement surélevé.	L'allongé se transforme en taches se transformant en poudré, doré-pustules brunes peu dispersés dans les patchs sur les côtés supérieur et inférieur de la feuille.
Corn LeafBlight	un champignon pathogène « Exserohilumturcicum »	Leaf (feuille)	Petit de forme ovale. Taches imbibées d'eau apparaissent sur le fond des feuilles.	Les lésions deviennent gris pâle pour bronzer et grandir jusqu'à la taille de 1 à 6 Pouces.

### 8.4 Virus de la striure du maïs

- ✓ Définition : Le virus de la striure du maïs (MSV; famille des Geminiviridae, genre Mastrevirus) est présent dans toute l'Afrique et provoque probablement la maladie virale la plus grave du continent.
- ✓ La cause de cette maladie : Causée par le Maize Streak Virus qui est propagé par certaines espèces de cicadelles de type Cicadulina.
- ✓ Les symptômes : Les symptômes varient légèrement selon le type de plante et les conditions environnementales. Aux premiers stades de l'infection, de petites taches jaunes circulaires sont visibles à la base des jeunes feuilles. À mesure que la maladie progresse, le nombre de taches augmente et celles-ci ont tendance à fusionner. Les espèces végétales plus sensibles développent des taches avec d'étroites rayures blanches à jaunes parallèles aux nervures des feuilles [19].



**Figure 5:** Le virus de la striure du maïs [51].

- ✓ Prévention et traitement : Pour résumer, voici quelques mesures pour prévenir la striure du maïs :
  - Optez pour des variétés de maïs résistantes.
  - Évitez la culture continue de maïs.
  - Faites des semis précoces pour que les jeunes plants échappent aux cicadelles pendant leurs premiers stades de croissance [19].

## 9. Description systématique et morphologique

Le maïs, scientifiquement connu sous le nom de *Zeamays*, est une plante monocotylédone qui appartient à la famille des Poacées ou des graminées. C'est une plante annuelle au génome diploïde ( $2n=20$ ). La classification du maïs est basée sur les caractéristiques de ses grains, ce qui donne sept types distincts. Cette classification sert principalement à des fins agronomiques. Contrairement aux autres graminées, le maïs est une graminée annuelle robuste avec une tige épaisse et lignifiée. La tige est constituée de plusieurs entre-nœuds, chacun mesurant environ vingt centimètres, et est de structure solide. Ces entre-nœuds sont séparés par des nœuds. Semblable à d'autres graminées, le maïs a la capacité de taller.

Appartenant à la famille des graminées, sous-famille des Panicoideae, le maïs (*Zeamays*) est une plante herbacée qui pousse chaque année. Son système racinaire est caractérisé par des racines fasciculées. Les feuilles sont disposées alternativement et forment deux lignes parallèles. D'un diamètre de 3 à 4 cm, la tige peut atteindre une hauteur moyenne allant de 1 à 3,5 m, même si elle peut parfois atteindre jusqu'à 6 m. Le maïs, étant une plante monoïque, possède des inflorescences mâles et femelles distinctes sur une seule plante. Malgré sa capacité d'autofécondation, le caractère monoïque et la protandrie du maïs garantissent que la pollinisation croisée provoquée par le vent se produit à un taux d'environ 90 à 95 %.

Au sommet de la tige, émerge l'aigrette ou inflorescence mâle, prenant la forme d'une panicule terminale. Cette panicule se compose de plusieurs branches qui entourent l'axe principal selon un motif en spirale. Au milieu de la tige, une courte branche latérale émerge à l'aisselle d'une des feuilles, donnant naissance à l'inflorescence femelle, appelée épi. En règle générale, seuls un ou deux bourgeons se transforment en épi. Le rachis ou tige, qui sert d'axe central à l'épi, supporte des paires d'épillets, chacun contenant une fleur fertile disposée en rangées longitudinales. Le grain de caryopse, fruit à une seule graine, complète le cycle de reproduction[20].



***Chapitre 02 :***  
***Technique***  
***d'apprentissage***  
***profond***



## 1. Introduction

Parler L'Intelligence Artificielle (IA) est devenu très courant ces dernières années. Cela est dû à son intervention efficace et son utilisation dans de nombreux domaines et secteurs tels que l'industrie, la santé, le transport, la finance et les infrastructures différentes.

L'IA regroupe l'ensemble des techniques, théories et des algorithmes qui s'inspirent de l'intelligence humaine afin de développer des programmes informatiques complexes permettant de trouver des solutions aux problèmes auxquels nous sommes habituellement confrontés.

Ce chapitre présente une étude bibliographique sur les techniques d'IA y compris :

- Technique d'intelligence artificielle.
- L'apprentissage profond vs l'apprentissage automatique.
- Historique d'apprentissage profond.
- Le principe d'apprentissage profond.
- Structure des systèmes.
- La descente gradient.
- L'apprentissage profond dans la bio-informatique.
- Techniques de l'apprentissage profond.
- Application d'apprentissage profond dans la bio-informatique.
- Frameworks d'apprentissage profond.
- Points fort et faible d'apprentissage profond.

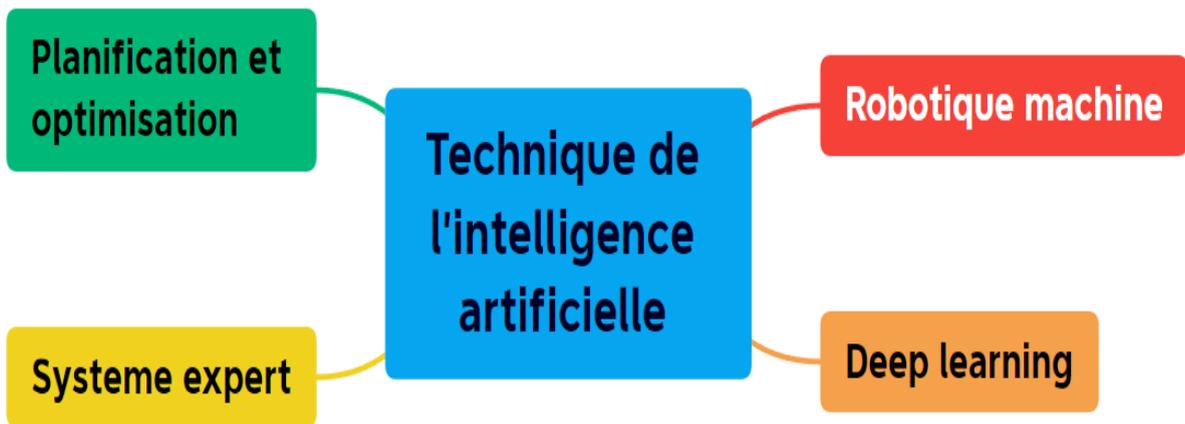
## 2. Technique de l'intelligence artificielle

C'est l'ensemble des techniques et des théories et des algorithmes permet de développer des programmes informatiques complexes qui sert à trouver des solutions aux problèmes auxquels nous sommes habituellement confrontés et à nous faciliter la tâche

Ces dernières années, parler du thème de l'intelligence artificielle est devenu très courant, en raison de son intervention et de son utilisation dans de nombreux domaines pour faciliter la vie quotidienne, preuve du développement et du progrès technologique auquel le monde est actuellement parvenu On retrouve le plus d'usages de l'intelligence artificielle dans les secteurs de l'industrie, de la santé, des aéroports, de la finance, de la banque, des assurances, des transports, etc.

L'intelligence artificielle (IA) englobe une multitude de techniques et d'applications, dont l'apprentissage automatique qui permet aux ordinateurs d'apprendre à partir de données, les réseaux de neurones artificiels inspirés du cerveau humain, la vision par ordinateur pour interpréter des images et des vidéos, le traitement du langage naturel pour comprendre et générer du langage humain, la robotique pour créer des systèmes autonomes, la recherche opérationnelle et l'optimisation pour résoudre des problèmes complexes, et enfin les systèmes experts qui utilisent des règles de connaissances pour prendre des décisions dans divers domaines tels que la médecine et la finance.

La figure suivante explique les techniques dont ils ont parlé :



**Figure 6:** Techniques de l'intelligence artificielle (AI).

### 3. L'apprentissage profond VS L'apprentissage automatique

L'apprentissage profond est une forme avancée d'apprentissage automatique, s'inspirant du fonctionnement du cerveau humain. Il utilise des réseaux neuronaux avec de multiples couches cachées pour résoudre des problèmes complexes. Contrairement dans l'apprentissage automatique traditionnel, où nous fournissons les caractéristiques, dans l'apprentissage profond, le modèle extrait lui-même les caractéristiques. Les modèles d'apprentissage profond peuvent comporter plusieurs dizaines voire des centaines de couches, permettant au système d'identifier et d'apprendre des caractéristiques hiérarchiques et abstraites, ce qui les rend particulièrement adaptés à la résolution de problèmes complexes [22].

### 4. Historique d'apprentissage profond

La notion d'apprentissage profond est une idée relativement récente qui a commencé à émerger dans les années 2000. Bien que le concept de l'apprentissage profond soit récent, les bases sur lesquelles il repose, à savoir les réseaux de neurones artificiels, ne le sont pas. L'origine des réseaux de neurones artificiels remonte à 1943, lorsque Warren McCulloch et

Walter Pitts ont présenté leur premier modèle mathématique et informatique du neurone biologique, connu sous le nom de neurone formel. Le neurone formel est étroitement inspiré du fonctionnement des neurones biologiques.

Pour retracer ses racines, il est nécessaire de remonter au milieu du 20ème siècle. Plus précisément, en 1943, le concept du "neurone formel" émerge, représentant une modélisation simplifiée du fonctionnement du cerveau humain. De même, en 1957, le "perceptron" est inventé, considéré comme le tout premier réseau de neurones artificiels.

Simultanément, en 1950, voit le jour le "test de Turing", une épreuve conçue pour évaluer la capacité d'une machine à imiter le comportement humain. Cette étape marque un tournant significatif dans l'histoire de l'intelligence artificielle, bien que son développement connaisse un ralentissement notable jusqu'aux années 1980.

Dans les années 2000, on assiste à l'émergence formelle et au développement significatif , des avancées théoriques dans la compréhension du fonctionnement des réseaux de neurones profonds et a commencé à démontrer son efficacité dans divers domaines, notamment la reconnaissance vocale, la traduction automatique, la reconnaissance d'objets dans les images et bien d'autres applications , aussi Avec l'avènement d'Internet et la numérisation croissante des données, le nombre d'ensembles de données disponibles pour le machine learning et le deeplearning a explosé . Les réseaux de neurones profonds ont été améliorés et développés, permettant de mieux former des réseaux de neurones comportant de nombreuses couches et aussi ont vu l'émergence des réseaux de neurones convolutionnels qui est une architecture spécifiquement conçue pour traiter des données structurées[23].

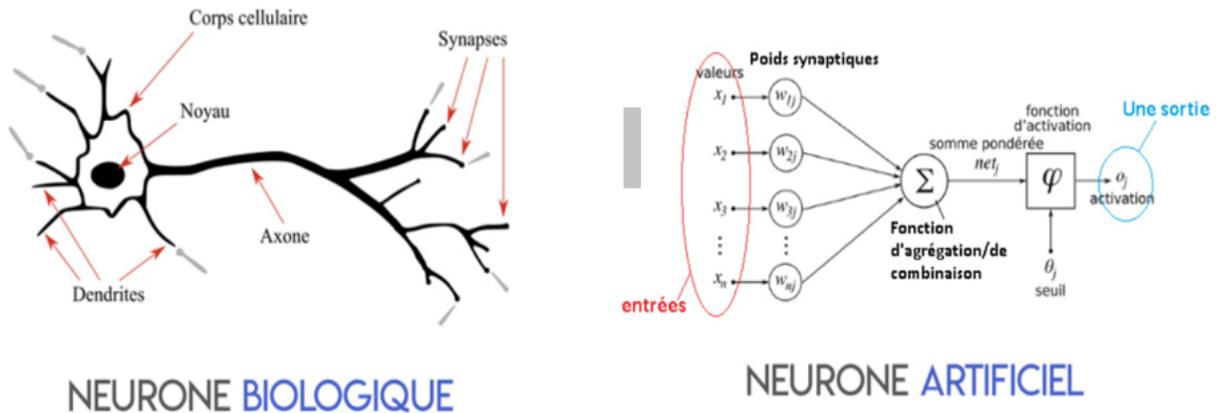
### **5. Le principe d'apprentissage profond**

Basée sur une structure algorithmique qu'on appelle réseaux neurones comme un réseau neuronal humain, contient un groupe connecte d'unité neuronale (neurones) qui est organisées dans plusieurs couches (Layer).

Comme le neurone biologique reçoit des signaux électrique dans plusieurs point et Ces signaux se rencontrent à l'intérieur du neurone et le neurone s'active et il envoie un signal aux neurones terminaux, C'est le cas d'un système d'apprentissage en profondeur constitué

d'un groupe connecté d'unités neuronales qui reçoivent et traitent les données et les restituent à nouveau donc Les neurones informatiques se rapprochent de ces principes [24].

La figure suivante représente les similitudes entre le neurone biologique et neurone artificiel :



**Figure 7:** Schéma d'un neurone informatique superposé à un schéma de neurone biologique [25].

## 6. Structure des systèmes

Les systèmes neuronaux d'apprentissage profond sont constitués d'un groupe connecté d'unités neuronales (neurones) organisées au sein d'un groupe de couches (couches), qui sont les suivantes :

### 6.1 Couches d'entrée

Cette première strate reçoit en entrée les données originelles, qu'il s'agisse de visuels, de contenu textuel ou d'autres formats de données. Chaque donnée est communément exprimée sous forme d'un vecteur numérique.

### 6.2 Couches cachées

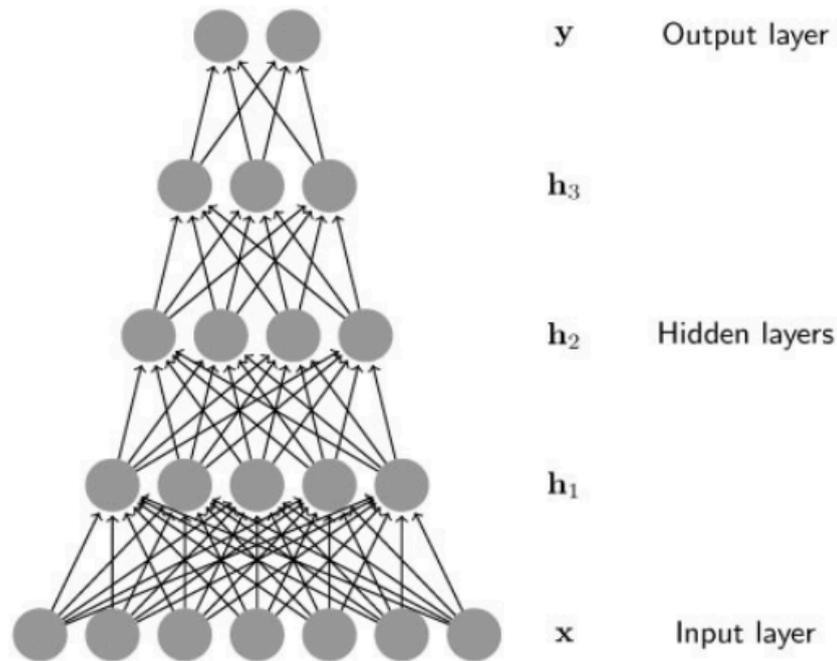
Couche entre (couche d'entrée) et (Couche de sortie), ici les unités neuronales (neurones units) calcule le poids de données initial (initial data) et le préparer à l'aide des fonctions d'activation.

### 6.3 Couches de sortie

La dernière couche responsable de donner et génère la prédiction ou la sortie du modèle. Sa configuration peut varier selon la tâche.

Dans l'apprentissage profond, le processus d'acquisition des connaissances implique le réglage des coefficients des liaisons entre les neurones. L'objectif est de réduire au minimum la disparité entre les sorties du modèle et les données cibles. Cette tâche est réalisée grâce à l'application d'algorithmes d'amélioration comme la méthode de descente de gradient[26].

- La figure suivante apparaitre les trois couches dont nous avons parlé :



**Figure 8 :** Structure de base des DNN avec unités d'entrée (x), trois unités cachées h<sub>1</sub>, h<sub>2</sub>, h<sub>3</sub>[27].

## 7. La descente de gradient

L'algorithme du gradient, également connu sous le nom d'algorithme de descente de gradient, fait référence à un algorithme d'optimisation qui traite les fonctions différentiables. Son objectif est de minimiser une fonction réelle différentiable définie sur un espace euclidien tel que l'espace des n-uplets de nombres réels, muni d'un produit scalaire, ou plus généralement sur un espace hilbertien. Cet algorithme est itératif et fonctionne en effectuant des améliorations progressives. À chaque itération, il déplace le point actuel dans la direction opposée au gradient afin de réduire la valeur de la fonction. La direction du déplacement est déterminée par la méthode numérique de recherche linéaire. Cette explication indique que l'algorithme fait partie de la famille des algorithmes à directions de descente.

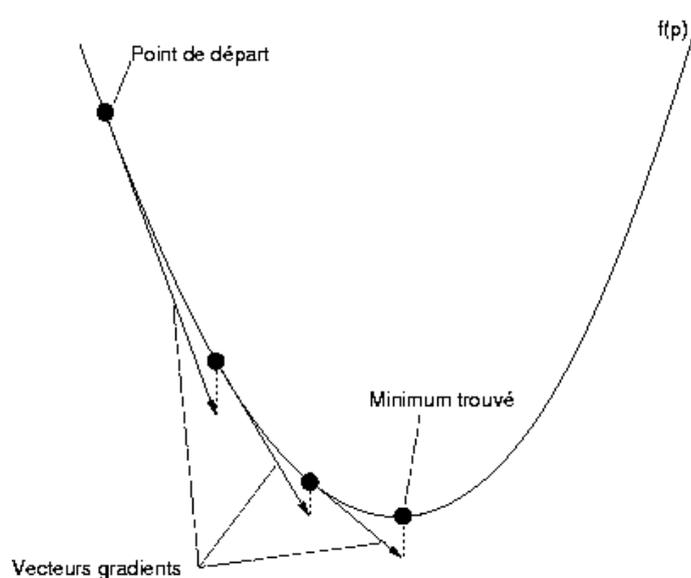
### 7.1 Le fonctionnement de cette descente

Avant d'entrer dans les détails de la descente de gradient, un rappel des concepts de régression linéaire pourrait être bénéfique. Vous pourriez vous souvenir de l'équation de base pour la pente d'une ligne, exprimée par  $y = mx + b$ , où  $m$  représente la pente et  $b$  l'ordonnée à l'origine sur l'axe des  $y$ .

Vous pourriez également vous rappeler avoir tracé un nuage de points en statistiques et avoir ajusté une ligne de meilleure adéquation, ce qui implique de calculer l'erreur entre les valeurs réelles et les valeurs prédites ( $\hat{y}$ ) en utilisant la formule de l'erreur quadratique moyenne. L'algorithme de descente de gradient suit une logique similaire, mais il opère sur une fonction convexe.

Initialement, nous partons d'un point arbitraire pour évaluer les performances. À partir de là, nous calculons la dérivée (ou la pente) et utilisons une ligne tangente pour évaluer la raideur de la pente. Cette pente guide les mises à jour des paramètres, à savoir les poids et le biais. La pente au départ est plus prononcée, mais à mesure que de nouveaux paramètres sont calculés, la pente diminue progressivement jusqu'à atteindre le point le plus bas de la courbe, connu sous le nom de point de convergence[29].

Voici Cette photo montre et explique l'analyse de performance de l'algorithme :



**Figure 9:** Analyse de la Performance de l'Algorithme de Descente de Gradient[50].

## 8. L'apprentissage profond dans la bio-informatique

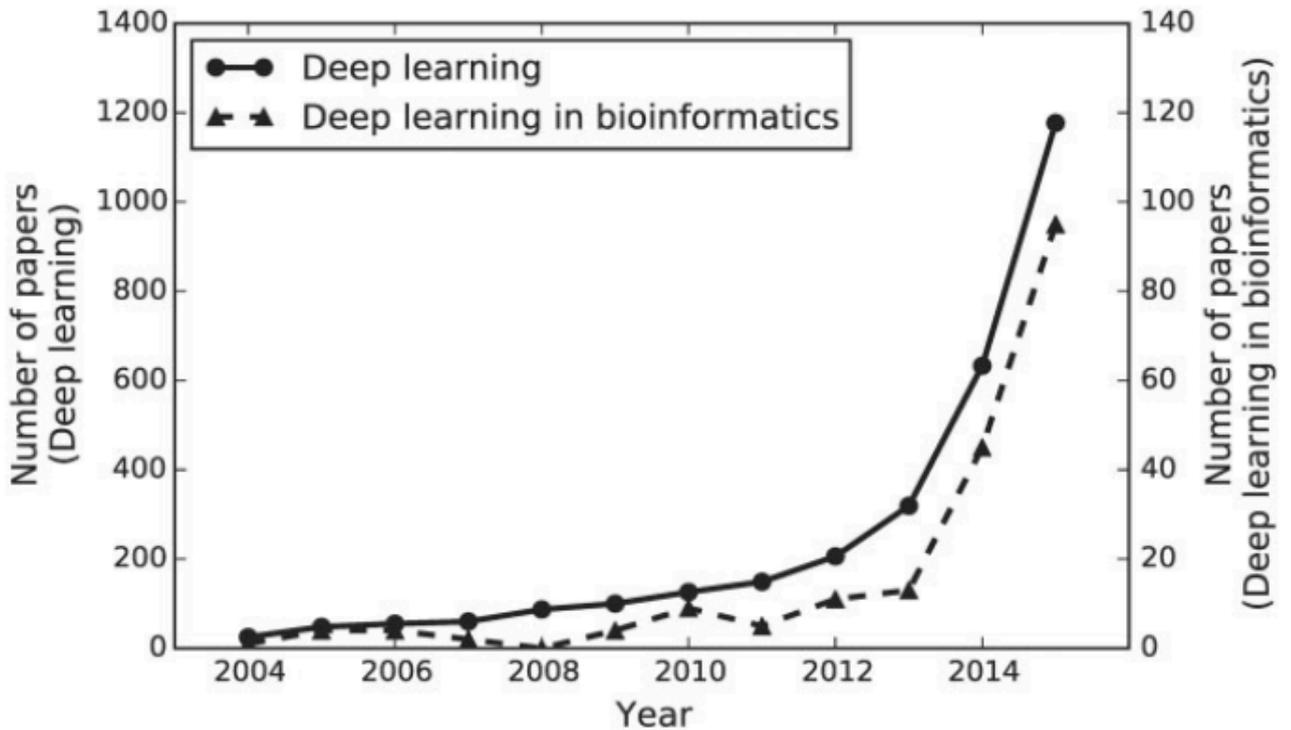
Actuellement, la conversion de Big Data en connaissances précieuses dans la biomédical et la recherche biologique constitue l'un des plus grands défis en bio-informatique. En conséquence, l'apprentissage profond a été appliqué en bio-informatique

pour mieux comprendre les données, donc elle a été soulignée dans le monde universitaire et l'industrie

En bio-informatique, l'apprentissage automatique a été largement utilisé pour extraire des connaissances à partir de grandes quantités de données. Des algorithmes tels que les machines à vecteurs de support, les modèles Markov cachés ou les réseaux bayésiens sont couramment appliqués en génomique, en protéomique et en biologie des systèmes.

Les algorithmes d'apprentissage automatique traditionnels s'appuient largement sur des représentations de données appelées « fonctionnalités », qui sont généralement conçues par des ingénieurs possédant une expertise dans le domaine. Cependant, identifier les fonctionnalités les plus pertinentes reste encore difficile. L'apprentissage profond, une branche du Machine Learning, a récemment émergé grâce au Big Data, à la puissance de calcul parallèle et distribuée et aux algorithmes sophistiqués. Il a surmonté les limites du passé, a attiré une attention croissante depuis le début des années 2000 et a permis des progrès significatifs dans divers domaines.[27, 28].

L'apprentissage profond prouvé son efficacité dans la biologie, la figure suivante schématise l'invention de l'apprentissage profond en biologie :



**Figure 10:** Nombre approximatif d'articles publiés sur l'apprentissage profond et l'apprentissage profond dans la bio-informatique par année[27].

## 9. Techniques de l'apprentissage profond

### 9.1 Réseaux de neurones convolutionnels (CNN)

Un Réseau de Neurones Convolutionnel (CNN) est un modèle d'apprentissage profond conçu pour analyser des données en grille comme les images, inspiré par le cortex visuel animal. Il utilise trois types principaux de couches : convolutionnelles, de regroupement et entièrement connectées. Les couches convolutionnelles appliquent des filtres pour extraire des caractéristiques, les couches de regroupement réduisent la taille des cartes de caractéristiques, et les couches entièrement connectées associent ces caractéristiques à des sorties comme des étiquettes de classification. Grâce à cette architecture hiérarchique, les CNN peuvent apprendre des motifs complexes et des relations spatiales, les rendant efficaces pour la classification d'images, la détection d'objets, et la segmentation d'images[30].

## 9.2 Réseaux de neurones récurrents (RNN)

Les RNN sont efficaces pour modéliser des séquences de données, telles que des séquences génomiques ou des séries temporelles biologiques. Ils sont utilisés pour prédire des séquences, modéliser la structure secondaire des protéines, etc.

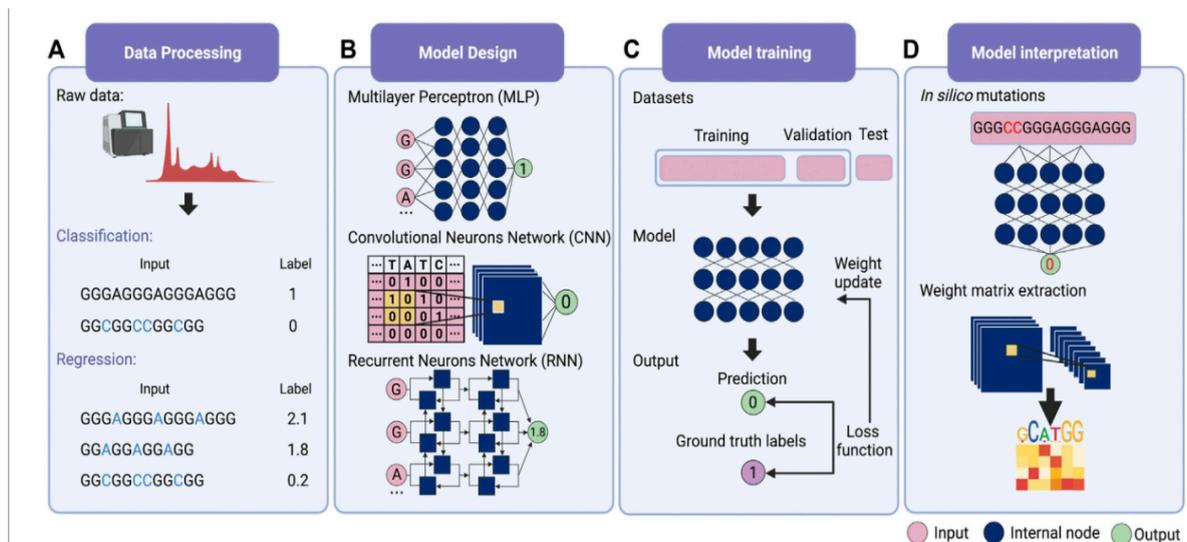
## 9.3 Réseaux de neurones génératifs (GAN)

Ces modèles sont employés pour générer de nouvelles données biologiques réalistes, comme des images de cellules ou des séquences génomiques synthétiques. Ils sont utiles pour augmenter les ensembles de données ou explorer l'espace des données biologiques.

## 9.4 Réseaux de neurones siamois

Utilisés pour la comparaison de paires de données, ces réseaux sont utiles pour des tâches telles que l'alignement de séquences génomiques ou la prédiction de la similarité entre des structures de protéines.

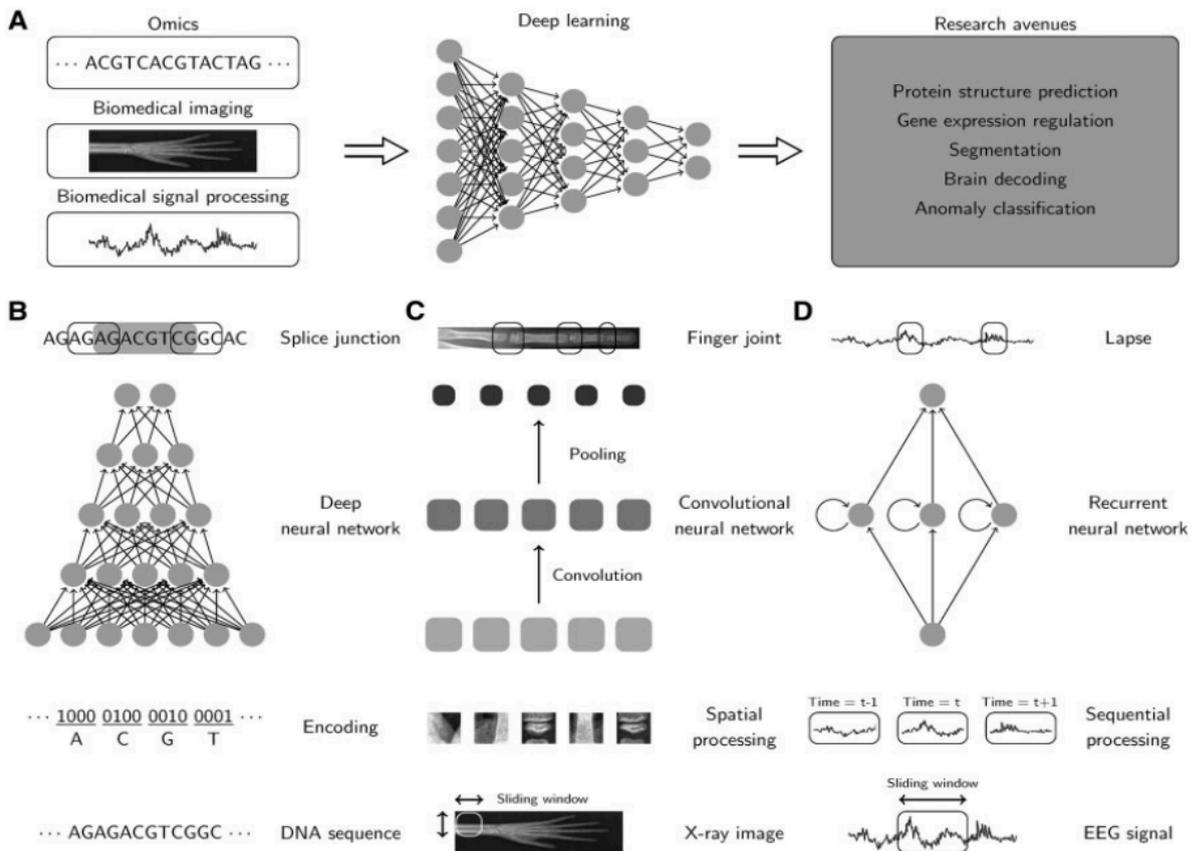
Nous avons donc ici dans l'image suivante certaines des techniques que nous avons mentionnées, qui devraient suivre des étapes spécifiques par lesquelles fonctionne l'apprentissage profond :



**Figure 11:** étapes de la méthode d'apprentissage profond[31].

## 10. Application d'apprentissage profond dans la bio-informatique

On a ciblé quelques applications importantes d'apprentissage profond en bio-informatique qui peuvent résoudre certains problèmes biologiques. La figure suivante illustre l'utilisation de ces applications :



**Figure 12:** Application de l'apprentissage profond à la recherche en bio-informatique[27].

On peut voir au niveau de cette figure que :

- ✓ (A) : Diagramme général avec données d'entrée et objectifs de recherche.
- ✓ (B) : Un exemple de recherche en domaine des omiques, prédiction des jonctions d'épissage dans les données de séquence d'ADN avec un réseau neuronal profond.
- ✓ (C) : Un exemple de recherche en imagerie biomédicale, détection des articulations des doigts à partir d'images radiographiques avec un réseau neuronal convolutif.

- ✓ (D) : Un exemple de recherche en traitement du signal biomédical. Détection d'intervalles à partir du signal.

### 10.1 La recherche en domaine des omiques

L'un des applications d'apprentissage profond consiste à lier des fragments de séquences nucléotidiques pour reconstituer une séquence complète. Cette tâche, appelée assemblage de génomes, est cruciale pour reconstruire l'information génétique d'un organisme à partir de fragments de séquençage.

En utilisant des réseaux de neurones profonds, il est possible d'apprendre à partir des motifs présents dans les fragments de séquences pour prédire la manière dont ils sont connectés les uns aux autres afin de former une séquence complète. Cette approche permet de surmonter les défis liés à l'assemblage de génomes, tels que la présence de répétitions ou de régions ambiguës.

### 10.2 La recherche en imagerie biomédicale

Dans la recherche en imagerie biomédicale, un exemple est la détection des articulations des doigts à partir d'images radiographiques à l'aide d'un réseau neuronal convolutif (CNN). Le CNN est entraîné sur des données annotées pour reconnaître les articulations dans les images en extrayant des caractéristiques discriminatives. Une fois entraîné, le réseau peut automatiquement détecter les articulations dans de nouvelles images, facilitant ainsi le diagnostic médical et la planification chirurgicale.

### 10.3 La recherche en traitement du signal biomédical

Dans le cadre d'apprentissage profond appliqué au traitement du signal biomédical, un exemple de recherche concerne la détection automatique des intervalles R dans les signaux d'électrocardiogramme (ECG). En utilisant des réseaux de neurones profonds tels que les CNN ou les RNN, les modèles sont entraînés sur des données ECG annotées pour automatiser cette tâche cruciale. Cette approche permet une détection précise et rapide des intervalles R, facilitant ainsi le diagnostic et la gestion des affections cardiaques.

## 11. Frameworks d'apprentissage profond

Les frameworks d'apprentissage profond ont été développés pour permettre de construire facilement des réseaux neuronaux à partir de modules existants, à un niveau élevé. Les plus populaires sont Caffe (Jia et al, 2014), Theano (Bastien et al, 2012), Torch7 (Collobert et al, 2011) et TensorFlow (Abadi et al, 2016 ; Rampasek & Goldenberg, 2016), qui diffèrent en termes de modularité, de facilité d'utilisation et de la manière dont les modèles sont définis et entraînés[32].

	Caffe	Theano	Torch7	TensorFlow
Langue de base	C++	Python, C++	LuaJIT	C++
Interfaces	Python, Matlab	Python	C	Python
Bibliothèque		Lasagne, Keras, sklearn-theano		Keras, Pretty Tensor, Scikit Flow
Paradigme de programmation	Imperative	Declarative	Imperative	Declarative
Bien adapté pour	CNNs, Réutilisation de modèles existants, Vision par ordinateur	Modèles personnalisés, RNNs	Modèles personnalisés, CNNs, Réutiliser des modèles existants	Modèles personnalisés, Parallélisation, RNNs

**Figure 13:** Les cadres d'apprentissage profond existants en comparant quatre solutions logicielles largement utilisées[32].

- ✓ Caffe, développé par le Berkeley Vision and Learning Center, est une bibliothèque écrite en C++ spécialisée dans l'apprentissage profond, notamment pour la vision par

ordinateur. Son architecture réseau est décrite dans un fichier de configuration, et il permet d'entraîner et d'utiliser des modèles via la ligne de commande, sans nécessiter d'écriture de code. Il offre des interfaces Python et MATLAB. Caffe est réputé pour ses performances élevées dans les réseaux de neurones convolutionnels (CNN) et propose plusieurs modèles pré-entraînés pour la reconnaissance d'images. Cependant, il peut être difficile d'implémenter des modèles personnalisés en C++. De plus, Caffe n'est pas adapté pour les architectures récurrentes.

- ✓ Theano, développé par l'Université de Montréal, est un framework en Python et C++ qui utilise un paradigme de programmation déclaratif. Il compile les modèles en code natif, optimisant ainsi les calculs et dérivant automatiquement les gradients. C'est efficace pour les RNN et permet de créer des modèles personnalisés, mais souffre de longs temps de compilation pour les modèles plus grands.
- ✓ Torch7, développé à l'Université de New York, est basé sur LuaJIT. Il permet de construire rapidement des réseaux en empilant des modules existants, ce qui le rend idéal pour les prototypes. Torch7 propose une implémentation efficace des CNN et donne accès à des modèles pré-entraînés, mais nécessite la familiarité avec LuaJIT et n'est pas optimal pour les réseaux récurrents personnalisés.
- ✓ TensorFlow, framework de Google, écrit en C++ avec une interface Python, déclare les réseaux neuronaux sous forme de graphes computationnels, offrant une parallélisations efficace et l'outil TensorBoard pour la visualisation. Malgré sa nouveauté, il propose la meilleure implémentation pour les RNNs mais dispose de peu de modèles pré-entraînés.

## 12. Les points fort et faible de l'apprentissage profond

L'apprentissage profond offre de meilleurs résultats que d'autres méthodes d'apprentissage machinent, particulièrement dans le traitement et la reconnaissance d'images, surpassant ainsi les autres formes d'intelligence artificielle. Il permet une exécution efficace des tâches de routine sans écarts de qualité, grâce à un apprentissage quotidien qui ne montre aucun signe de fatigue et maintient une constance de qualité, ce qui entraîne des économies de temps et d'argent après la phase initiale de formation. De plus, l'apprentissage profond est

capable de traiter des données non structurées, telles que des documents, des photos et des e-mails, ce qui lui donne un avantage sur les technologies limitées à l'analyse de données structurées. Cependant, l'apprentissage profond nécessite une grande puissance de calcul pour la maintenance des réseaux de neurones artificiels et le traitement de grandes quantités de données. Il a également besoin d'une grande base de données pour être efficace, car sans cela, les résultats ne seront pas optimaux. Enfin, le transfert d'apprentissage peut être difficile, car les modèles d'apprentissage profond peuvent avoir des difficultés à transférer efficacement les connaissances d'une tâche à une autre.



***Chapitre03 :Contri  
bution et étude  
expérimentale***



## 1. Introduction

Dans un monde où la demande alimentaire ne cesse de croître, il est nécessaire d'améliorer les méthodes de production agricole. Cependant, le processus de surveillance des cultures peut être fastidieux et sujet aux erreurs humaines. Pour surmonter ces défis, les progrès récents en matière d'utilisation des techniques d'intelligence artificielle offrent des solutions prometteuses. Dans ce chapitre, nous présentons notre contribution qui repose sur une approche d'IA basée sur l'utilisation des réseaux neuronaux convolutifs (CNN), le processus d'entraînement et d'évaluation du modèle, jusqu'à l'analyse des résultats obtenus. Elle consiste à proposer une interface home machine permettant d'identifier les signes de maladies et prédiction des types de stress chez le maïs à partir des séquences protéiques et des photos prise sur des instances réelles du maïs.

## 2. Matériel

### 2.1 Données utilisés

Nous avons travaillé sur un Dataset composé d'un ensemble de données qui représente une variété de conditions du maïs. Les données utilisées sont présentées sous forme d'images et de séquences nucléotidiques. Quant aux données présentées par des images, nous avons utilisé un ensemble des images de maïs sains (Healthy - 1162 images) et d'autres atteints des maladies suivantes : Rouille Commune du Maïs (Common Rust - 1306 images), la brûlure du maïs (Blight - 1146 images), Tache grise du maïs (Gray Leaf Spot - 574 images). [49] Le tableau 1 présente plus de détails sur les données image utilisée. En outre nous avons travaillé sur des séquences protéiques qui sont collectées à partir de la banque de données UNIPROT[33]. D'où on a trouvé des séquences protéiques du Zeamayshealthy et MayzStreakVirus (MSV) qu'on a téléchargé en formaFasta.

**Table 4:** Informations sur les données images utilisées.

Nom du dossier	La taille du fichier	nombre des images
Blight	69.9 MB	1146 images
Common_Rust	57.3 MB	1306 images
Gray_Leaf_Spot	23.1 MB	574 images
Healthy	12.7 MB	1162 images

## 2.2 Machine utilisé

Nous avons travaillé sur un ordinateur doté des fonctionnalités suivantes indiquées dans le tableau 2 :

**Table 5:** Les caractéristiques de l'ordinateur utilisé pour l'apprentissage.

Composants	Caractéristiques
Processeur	i7 11ème générations
RAM	8GO
ROM	512SSD
Carte graphique	Intel IRIS
system d'exploitation	Windows 11

## 2.3Les outils

Nous avons travaillé avec un ensemble de langages de programmation installés sur notre environnement de travail, les outils utilisés sont détaillés dans ce qui suit :

- ✓ **Python** : Est un langage de programmation haut niveau, interprété et orienté objet. Sa syntaxe simple et sa sémantique dynamique le rendent idéal pour le développement rapide d'applications et le Scripting. Il favorise la modularité et la réutilisation du code grâce à la prise en charge des modules et des packages. Python est disponible gratuitement sur toutes les plateformes majeures, avec une vaste bibliothèque standard [34].
- ✓ **HTML** : C'est le langage utilisé pour la création de notre interface et de son contenu. Il permet de structurer les éléments d'une page web, tels que le texte, les images, les liens, les formulaires, et bien plus encore[35].
- ✓ **CSS** : Le modèle de boîte CSS est utilisé pour organiser la mise en page des éléments en définissant leur taille, leurs marges, leurs bordures, etc. Enfin, le positionnement CSS offre une flexibilité pour disposer les éléments sur la page de manière dynamique et réactive[36].

- ✓ **JS** : Il s'agit du langage de programmation JavaScript qui a différentes fonctions, dans notre cas, il est utilisé pour modifier la page pour qu'elle s'adapte à l'écran de l'ordinateur ou du téléphone[37].
- ✓ **Django** : Nous avons lié tout le code et les modèles dans une seule application en ligne à l'aide d'un Framework Django qui nous a aidés à nous connecter tous les codes et à les travailler ensemble avec succès[38].
- ✓ **Google Colab**: Colab est un service hébergé de notebooks Jupyter qui ne nécessite aucune configuration et qui permet d'accéder gratuitement à des ressources informatiques, y compris des GPU et des TPU. Colab est particulièrement adapté à la méthode machine learning, à la science des données et à l'enseignement[39].
- ✓ **Visual Studio Code** : Édité par Microsoft, est un éditeur de code polyvalent disponible sur Windows, Linux et MacOS. Il offre des fonctionnalités avancées telles que le débogage, la mise en évidence syntaxique et la complétion intelligente du code. Gratuit et extensible grâce à des extensions, il est basé sur un projet open source. En 2023, il a été classé comme l'IDE le plus populaire par StackOverflow, avec plus de 73% d'utilisation [40].

## 2.4 Bibliothèques

Le tableau ci-dessous présente une liste des différentes bibliothèques utilisées dans notre travail.

Les bibliothèques python utilisée :

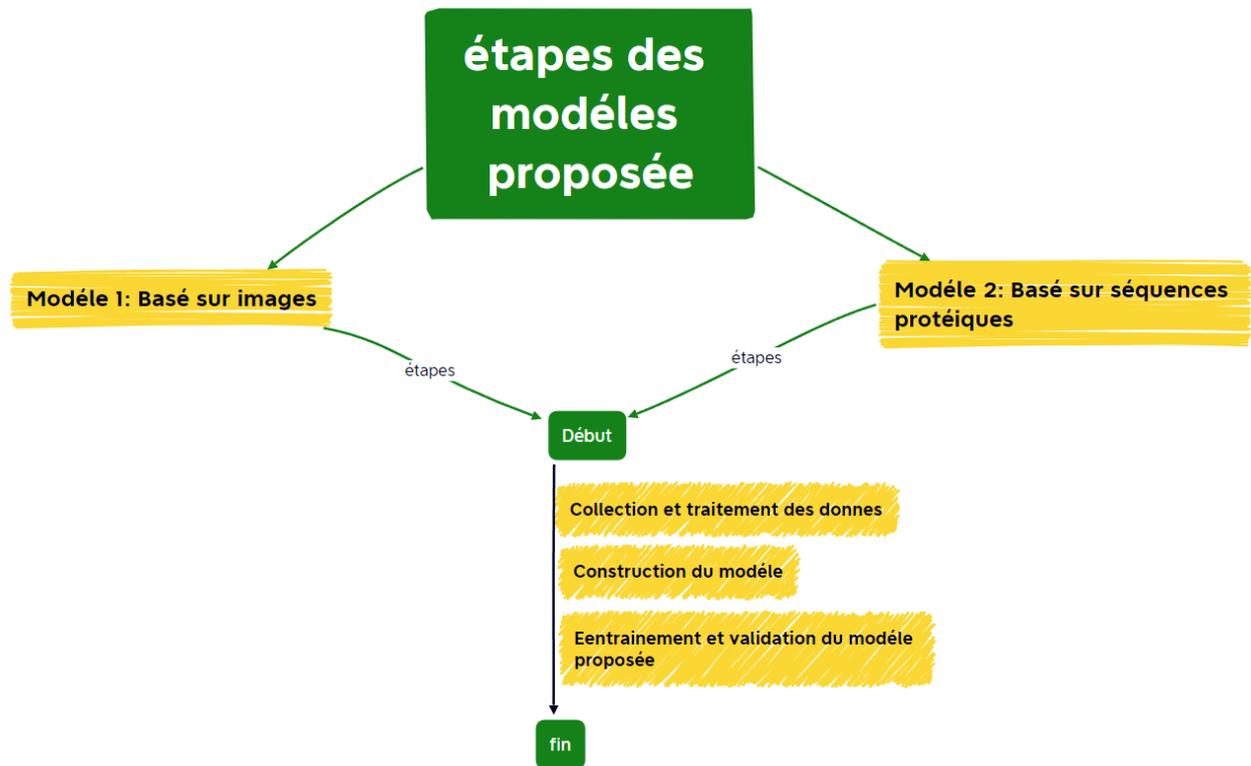
**Table 6:** Les bibliothèques utilisées.

Bibliothèques	Descriptions
---------------	--------------

<b>Matplotlib</b>	<p>Une bibliothèque de visualisation de données en Python qui permet de créer des graphiques de qualité professionnelle. Elle offre une grande flexibilité pour créer une variété de graphiques en 2D et en 3D. Visualizationwith python (no date) Matplotlib [41].</p>
<b>Tensorflow</b>	<p>TensorFlow est une bibliothèque d'apprentissage automatique open source développée par Google. Elle est utilisé pour créer et entraîner des modèles d'apprentissage en profondeur, car il simplifie la création de graphiques informatiques et peut fonctionner efficacement sur diverses plates-formes matérielles[42].</p>
<b>umpy</b>	<p>NumPy est une bibliothèque de traitement de tableaux en Python. Elle offre des objets tableaux multidimensionnels puissants et des outils pour les manipuler. Utilisé pour le calcul scientifique, NumPy sert aussi de conteneur multidimensionnel efficace pour des données générales [43].</p>
<b>andas</b>	<p>Pandas est une bibliothèque permettant la manipulation et l'analyse de données. Elle propose en particulier des structures de données et des opérations de manipulation de tableaux numériques et de séries temporelles[44].</p>
<b>eras</b>	<p>Keras est une bibliothèque open source qui fournit une interface Python pour les réseaux de neurones artificiels. Elle était à l'origine un logiciel autonome, mais a ensuite été intégré à la bibliothèque TensorFlow[45].</p>
<b>klearn</b>	<p>Est la bibliothèque d'apprentissage automatique la plus utile et la plus robuste de Python Il propose une sélection d'outils efficaces pour l'apprentissage automatique et la modélisation statistique[46].</p>

### **3. Méthodes**

Notre approche repose essentiellement sur la proposition de deux modèles basés sur l'apprentissage profond. Le premier modèle permet de déterminer le type de la maladie du maïs à partir d'une image saisie par l'utilisateur. Tandis que le deuxième modèle permet de prédire le stress chez une plate de maïs à partir de sa séquence protéique. Pour cela, nous avons passé par un ensemble d'étapes qui sont résumées dans l'algorithme suivant :



**Figure 14:** Étapes des modèles proposés.

### 3.1 Collection et traitement des données

#### 3.1.1 Modèle de classification par image

Ce code, utilisé dans un environnement Google Colab, qui est puissante et conviviale pour le développement de projets d'apprentissage automatique et profond, avec un accès facile aux ressources informatiques et aux données qui sont collectées sous forme de données qui sont déjà été organisées et nettoyées.

✓ Importation des modules et définition de constantes

```
import os
import sys
from tempfile import NamedTemporaryFile
from urllib.request import urlopen
from urllib.parse import unquote, urlparse
from urllib.error import HTTPError
from zipfile import ZipFile
import tarfile
import shutil

CHUNK_SIZE = 40960
DATA_SOURCE_MAPPING = 'corn-or-maize-leaf-disease-dataset:https%3A%2F%2Fstorage.googleapis.com%2Fkaggle-data'
```

**Figure 15:** L'importation des modules nécessaire.

Les modules nécessaires sont importés pour fournir les fonctionnalités requises dans le script et certaines constantes sont définies. On à la constante `CHUNK_SIZE` spécifie la taille des morceaux de données qui seront téléchargés à chaque fois et la constante `DATA_SOURCE_MAPPING` qui spécifie les données à télécharger et leurs URL associées, sous forme d'une chaîne encodée.

✓ Téléchargement et Extraction des Données

Ce script automatise le processus de téléchargement et d'extraction des données pour faciliter l'accès aux jeux de données dans un environnement , tout en assurant une gestion des erreurs pour des téléchargements robustes.

```

for data_source_mapping in DATA_SOURCE_MAPPING.split(','):
    directory, download_url_encoded = data_source_mapping.split(':')
    download_url = unquote(download_url_encoded)
    filename = urlparse(download_url).path
    destination_path = os.path.join(KAGGLE_INPUT_PATH, directory)
    try:
        with urlopen(download_url) as fileres, NamedTemporaryFile() as tfile:
            total_length = fileres.headers['content-length']
            print(f'Downloading {directory}, {total_length} bytes compressed')
            dl = 0
            data = fileres.read(CHUNK_SIZE)
            while len(data) > 0:
                dl += len(data)
                tfile.write(data)
                done = int(50 * dl / int(total_length))
                sys.stdout.write(f"\r[ '=' * done]{' ' * (50-done)}] {dl} bytes downloaded")
                sys.stdout.flush()
                data = fileres.read(CHUNK_SIZE)
            if filename.endswith('.zip'):
                with ZipFile(tfile) as zfile:
                    zfile.extractall(destination_path)
            else:
                with tarfile.open(tfile.name) as tarfile:
                    tarfile.extractall(destination_path)
            print(f'\nDownloaded and uncompressed: {directory}')
    except HTTPError as e:
        print(f'Failed to load (likely expired) {download_url} to path {destination_path}')
        continue
    except OSError as e:
        print(f'Failed to load {download_url} to path {destination_path}')
        continue

print('Data source import complete.')

```

**Figure 16:** Téléchargement et Extraction des Données.

### ✓ Importation des Bibliothèques et définition des Paramètres de Traitement d'images

```

[ ] import tensorflow as tf
    from tensorflow.keras import models, layers
    import matplotlib.pyplot as plt

IMAGE_SIZE = (256, 256)
BATCH_SIZE = 32

```

**Figure 17:** Configuration de l'Environnement TensorFlow et des Paramètres de Traitement d'Images.

Nous avons préparé l'environnement de travail pour créer et entraîner notre modèle de d'apprentissage profond avec TensorFlow et Keras.

### 3.1.2 Model de classification par séquence

#### ✓ Importation des Bibliothèques

On a importé les bibliothèques nécessaires pour la construction de notre model la figure suivante montre quelles sont et comment on les importe.

```
C:\Users\Zinou\Downloads> model seq.py > ...
1 import pandas as pd
2 import numpy as np
3 from sklearn.model_selection import train_test_split
4 from sklearn.preprocessing import LabelEncoder
5 from tensorflow.keras.models import Sequential
6 from tensorflow.keras.layers import LSTM, Dense, Dropout, Conv1D, MaxPooling1D, Flatten
7 from tensorflow.keras.optimizers import Adam
8
```

**Figure 18:** Les bibliothèques utilisées.

- Chargement de la base des données on mettait leur chemin par la fonction suivante :

```
data = pd.read_csv(r"C:\Users\Zinou\Downloads\DHZMDATASET2025.csv")
```

✓ Nettoyage de la base des données

Après le téléchargement des séquences à partir de la banque des données UNIPROT on les convertis en fichiers csv et les mettre en ordre suivant : Séquence, Length, maladie. En commençant par les séquences HEALTHY puis les MSV pour avoir une base de données bien organiser.

```
[ ] import pandas as pd

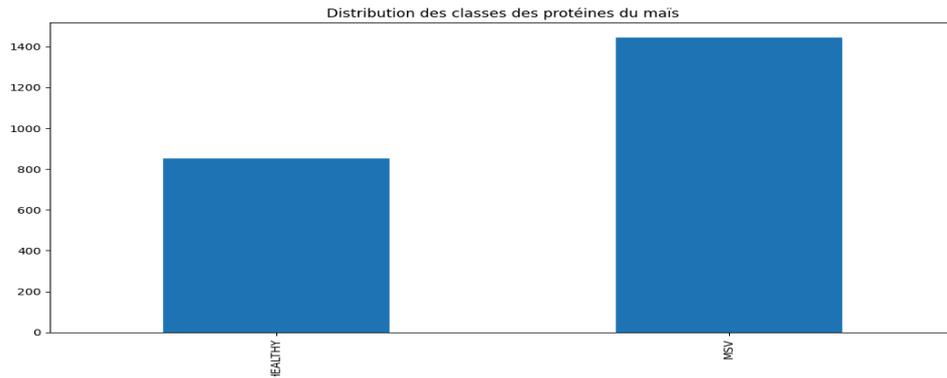
import pandas as pd
from google.colab import files
df = pd.read_csv("/content/DHZMDATASET2025.csv")
df
```

	Sequence	Length	maladie
0	MAMPYASLSPAGAADHRSSSTATASLVPCFRSTPLSAGGGLGEEDAQ...	408	HEALTHY
1	MAANGGDHTSARPHVLLPSAGMGHLVPPFARLAVALSEGHGCNVS...	475	HEALTHY
2	MPSRSPACRPRGRNRRSAADAVARPLALALILVSTLPRAAHSQDLA...	856	HEALTHY
3	MAPSNIVVQSSSTPPVAGGDEEFAPSVWGDFFVTYATPVSQASEQR...	557	HEALTHY
4	MAAVQFAAAGVLTGLLALATLASCNTDGDILYKQLAWEDPNNVLQ...	247	HEALTHY
...	...	...	...
2292	LPDPPRVLETAPSHFLDLPFQWKVTDFTGAAAYHGTDDL SASAVLT...	177	MSV
2293	LPPRVLETAPSHFLDLPFQWKVTDFTGFAAYHGTDDL SASAVLTTL...	175	MSV
2294	MASSSSNRQFSHRNANTFLTYPKCPENPEIACQMIWELV	40	MSV
2295	RSLGVHNYWQNNVDWSSYNEDAIYNIVDDIPFKFCPCWKQLVGCQR...	73	MSV
2296	RSLGVHNYWQNNVDWSSYNEDAIYNIVDDIPFKFCPCWKQLVGCQR...	73	MSV

2297 rows x 3 columns

**Figure 19:** Nettoyage des données.

Donc on a finalement une base de données bien structurée et organisée contienne des séquences protéiques voici le diagramme suivant :



**Figure 20:** Contenu du data set.

## 3.2 Construction du modèle

### 3.2.1 Modèle de classification par image

Ce modèle de CNN est conçu pour traiter des images de taille 256x256 avec 3 canaux de couleur. Il comporte plusieurs couches de convolution suivies de couches de pooling pour extraire les caractéristiques importantes des images, des couches d'augmentation et de prétraitement des données, et des couches denses pour la classification finale en 4 classes. L'activation softmax à la sortie est utilisée pour produire des probabilités pour chaque classe.

```
n_classes = 4
input_shape = (BATCH_SIZE,256,256,3)
model = models.Sequential([
    resize_and_rescale,
    data_augmentation,
    layers.Conv2D(32,(3,3),activation='relu',input_shape = input_shape),
    layers.MaxPooling2D((2,2)),
    layers.Conv2D(64, kernel_size = (3,3),activation='relu'),
    layers.MaxPooling2D((2,2)),
    layers.Flatten(),
    layers.Dense(64,activation='relu'),
    layers.Dense(n_classes,activation='softmax'),
])
model.build(input_shape=input_shape)
```

**Figure 21:** Construction et Compilation du Modèle CNN pour la Classification d'Images de Maïs.

- paramètres Initiaux :

n\_classes = 4 : Nombre de classes de sortie.

input\_shape = (BATCH\_SIZE, 256, 256, 3) : Dimension des images d'entrée.

- Création du Modèle Séquentiel :

Prétraitement des Données :

`resize_and_rescale` et `data_augmentation`: Pour préparer et augmenter les images.

Convolution et Pooling:

Couches `Conv2D` et `MaxPooling2D` en série pour extraire les caractéristiques des images.

Aplatissement et Couches Denses :

`Flatten ()` : Aplatisse les données.

`Dense (64, activation='relu')` : Couche dense avec 64 neurones.

`Dense (n_classes, activation='softmax')`: Couche de sortie pour la classification.

### ✓ Résumé du modèle

`model.build(input_shape=input_shape)`: Construction finale du modèle avec la forme d'entrée spécifiée.

```

Model: "sequential_2"
-----
Layer (type)                Output Shape              Param #
-----
sequential (Sequential)     (32, 256, 256, 3)        0
sequential_1 (Sequential)   (32, 256, 256, 3)        0
conv2d (Conv2D)             (32, 254, 254, 32)       896
max_pooling2d (MaxPooling2D) (32, 127, 127, 32)      0
conv2d_1 (Conv2D)           (32, 125, 125, 64)       18496
max_pooling2d_1 (MaxPooling2D) (32, 62, 62, 64)        0
conv2d_2 (Conv2D)           (32, 60, 60, 64)         36928
max_pooling2d_2 (MaxPooling2D) (32, 30, 30, 64)        0
conv2d_3 (Conv2D)           (32, 28, 28, 64)         36928
max_pooling2d_3 (MaxPooling2D) (32, 14, 14, 64)        0
conv2d_4 (Conv2D)           (32, 12, 12, 64)         36928
max_pooling2d_4 (MaxPooling2D) (32, 6, 6, 64)          0
flatten (Flatten)           (32, 2304)                0
dense (Dense)               (32, 64)                  147520
dense_1 (Dense)             (32, 4)                   260
-----
Total params: 277956 (1.06 MB)
Trainable params: 277956 (1.06 MB)
Non-trainable params: 0 (0.00 Byte)

```

**Figure 22:** Le résumé du modèle.

### 3.2.2 Modèle de classification par séquence

✓ **Transformation des labels**

- Les labels sont convertis en valeurs numériques grâce à LabelEncoder.

✓ **Encodage des séquences protéomiques**

- Les séquences protéiques sont transformées en matrices one-hot, où chaque acide aminé est représenté par un vecteur binaire.

✓ **Séparation des données**

- Les données sont divisées en ensembles d'entraînement et de test.

✓ **Adaptation des données**

- Les données d'entraînement sont remodelées pour s'adapter aux couches convolutives (Conv1D) du modèle.
- Un modèle séquentiel est construit, incluant :
  - Une couche Conv1D pour extraire les caractéristiques des séquences.
  - Une couche de max-pooling pour réduire la dimensionnalité.
  - Une couche flatten pour transformer les données en vecteurs.

- Des couches denses pour effectuer la classification.

```
# Construction du modèle
model = Sequential()
model.add(Conv1D(filters=32, kernel_size=3, activation='relu', input_shape=(X_train.shape[1], X_train.shape[2])))
model.add(MaxPooling1D(pool_size=2))
model.add(Flatten())
model.add(Dense(64, activation='relu'))
model.add(Dense(1, activation='sigmoid'))
```

**Figure 23:**Construction du model.

### ✓ Configuration du modèle

- Le modèle est configuré avec l'optimiseur Adam et la fonction de perte `binary_crossentropy`.
- La précision est définie comme métrique de performance.
- mance.

## 3.3 Entraînement et validation du modèle

### 3.3.1 Modèle classification par image

#### ✓ Visualisation des Images

Cette visualisation permet de vérifier visuellement que les images et leurs étiquettes sont correctement chargées et prêtes pour l'entraînement du modèle.

```
[ ] plt.figure(figsize=(10,10))
    for image_batch, label_batch in dataset.take(1):
        for i in range(12):
            ax = plt.subplot(3,4,i+1)
            plt.imshow(image_batch[i].numpy().astype('uint8'))
            plt.title(class_names[label_batch[i]])
            plt.axis('off')
```

**Figure 24:** Visualisation des Images du Jeu de Données.

Ce code crée une figure de 10x10 pouces pour afficher les images. Il prend le premier lot de 32 images et leurs étiquettes, puis affiche les 12 premières images dans une grille 3x4. Chaque image est affichée en format `uint8` avec son nom de classe en titre, et les axes sont désactivés pour une visualisation plus propre.

Après l'exécution de ce code, une figure est affichée contenant 12 images du jeu de données. Chaque image est accompagnée de son étiquette, qui indique la classe à laquelle l'image appartient (par exemple, 'Blight', 'Common Rust', 'Gray\_Leaf\_Spot', ou 'Healthy').



**Figure 25:** Aperçu des Images et Étiquettes du Jeu de Données.

Le code entraîne le modèle de réseau neuronal avec les données d'entraînement (train\_ds) pour un total de 40 époques. L'ensemble de données est divisé en lots de taille spécifiée (batch\_size) pour l'entraînement du modèle. Pendant l'entraînement, les métriques de perte et d'exactitude sont enregistrées pour chaque époque.

De plus, les performances du modèle sont évaluées sur l'ensemble de validation (val\_ds) à la fin de chaque époque pour surveiller le sur ajustement du modèle.

Les informations telles que la perte et l'exactitude de l'entraînement et de la validation sont affichées pour chaque époque, fournissant ainsi une évaluation du processus d'entraînement et de l'apprentissage du modèle au fil du temps.

Il est illustré dans la figure suivante :

```

104/104 [=====] - 6s 60ms/step - loss: 0.2076 - accuracy: 0.9179 - val_loss: 0.2412 - val_accuracy: 0.9087
Epoch 35/40
104/104 [=====] - 6s 61ms/step - loss: 0.2334 - accuracy: 0.9061 - val_loss: 0.2523 - val_accuracy: 0.9183
Epoch 36/40
104/104 [=====] - 6s 61ms/step - loss: 0.2060 - accuracy: 0.9221 - val_loss: 0.2403 - val_accuracy: 0.8918
Epoch 37/40
104/104 [=====] - 6s 60ms/step - loss: 0.1960 - accuracy: 0.9215 - val_loss: 0.1992 - val_accuracy: 0.9303
Epoch 38/40
104/104 [=====] - 6s 60ms/step - loss: 0.1855 - accuracy: 0.9248 - val_loss: 0.2067 - val_accuracy: 0.9399
Epoch 39/40
104/104 [=====] - 6s 60ms/step - loss: 0.1941 - accuracy: 0.9281 - val_loss: 0.1989 - val_accuracy: 0.9279
Epoch 40/40
104/104 [=====] - 6s 61ms/step - loss: 0.1860 - accuracy: 0.9272 - val_loss: 0.1867 - val_accuracy: 0.9231

```

**Figure 26:** L'historique informatif résultant de la phase d'entraînement d'images.

### 3.3.2 Modèle de classification par séquence

Ce script utilise les données d'entraînement pour entraîner un modèle de réseau neuronal et exécute 15 lots de traitement avec une durée moyenne de 8 millisecondes par lot. La perte finale est de 0,0883 et la précision atteint 98,04 %. Après la formation, le modèle a été évalué à l'aide de l'ensemble de test et a également démontré une précision de 98,04 %

```

29/29 [=====] - 2s 58ms/step - loss: 0.1103 - accuracy: 0.9711 - val_loss: 0.0953 - val_accuracy: 0.9804
Epoch 3/10
29/29 [=====] - 2s 58ms/step - loss: 0.0585 - accuracy: 0.9880 - val_loss: 0.0909 - val_accuracy: 0.9804
Epoch 4/10
29/29 [=====] - 2s 53ms/step - loss: 0.0320 - accuracy: 0.9929 - val_loss: 0.0874 - val_accuracy: 0.9804
Epoch 5/10
29/29 [=====] - 2s 53ms/step - loss: 0.0179 - accuracy: 0.9989 - val_loss: 0.0974 - val_accuracy: 0.9804
Epoch 6/10
29/29 [=====] - 2s 53ms/step - loss: 0.0111 - accuracy: 1.0000 - val_loss: 0.1009 - val_accuracy: 0.9804
Epoch 7/10
29/29 [=====] - 2s 52ms/step - loss: 0.0079 - accuracy: 1.0000 - val_loss: 0.1094 - val_accuracy: 0.9804
Epoch 8/10
29/29 [=====] - 2s 54ms/step - loss: 0.0056 - accuracy: 1.0000 - val_loss: 0.1026 - val_accuracy: 0.9804
Epoch 9/10
29/29 [=====] - 2s 54ms/step - loss: 0.0033 - accuracy: 1.0000 - val_loss: 0.1080 - val_accuracy: 0.9804
Epoch 10/10
29/29 [=====] - 2s 53ms/step - loss: 0.0024 - accuracy: 1.0000 - val_loss: 0.1140 - val_accuracy: 0.9804
15/15 [=====] - 0s 8ms/step - loss: 0.1140 - accuracy: 0.9804
Test Accuracy: 0.980434775352478
1/1 [=====] - 0s 114ms/step

```

**Figure 27:** L'historique informatif résultant de la phase d'entraînement de séquences.

## 3.4 Construction de l'Interface

Afin de faciliter l'utilisation des codes créés, nous avons développés une interface permettant l'utilisation des différentes fonctionnalités proposées. Cette interface permet à l'utilisateur de réaliser des prédictions des maladies du maïs à partir des images présent sur des plantes réels, ainsi que a partir des séquences protéiques.

Notre application web permet de prédire le taux d'apparition de la maladie, afin d'aider au diagnostic de manière efficaces et précise. Les figures prochaines représentent des captures d'écran de l'interface créé.

### ✓ HTML

Cette capture d'écran représente la structure de base du document HTML avec des liens vers des ressources externe (java script).

```
{% load static %}
<!DOCTYPE html>
<html lang="en">

<head>
  <meta charset="UTF-8">
  <title> 🦠 .Ai</title>
  <script src="https://unpkg.com/htmx.org@1.9.9"
    integrity="sha384-QFjmbokDn2Dj8jq+fM+8LUIVrAgqcNW2s0PjAxHETgRn914fvX31ZxDxvwQnyMOX" crossorigin="anonymous"
    defer></script>
  <link rel="stylesheet" href="{% static 'css/style.css' %}" media=" all">
  <link href="https://fonts.cdnfonts.com/css/future-now" rel="stylesheet">
</body>
<nav class="nav py-1">
```

**Figure 28:** Début du code html.

### ✓ CSS

Ce code css contrôle la visibilité et les effets de transition des éléments SVG (scalablevectorgraphics) dans notre interface web.

```
<style>
  svg {
    width: 4em;
  }

  .htmx-settling svg {
    opacity: 0;
  }

  svg {
    transition: opacity 300ms ease-in;
  }

  .htmx-indicator {
    display: none;
  }

  .htmx-request .htmx-indicator {
    display: inline;
  }

  .htmx-request.htmx-indicator {
    display: inline;
  }
</style>
```

**Figure 29:** Partie du CSS.

### ✓ JAVASCRIPT

On a utilisé ces fonctionnalités de javascript pour gérer les menus de navigation sur les écrans plus petits, telles que les appareils mobiles.

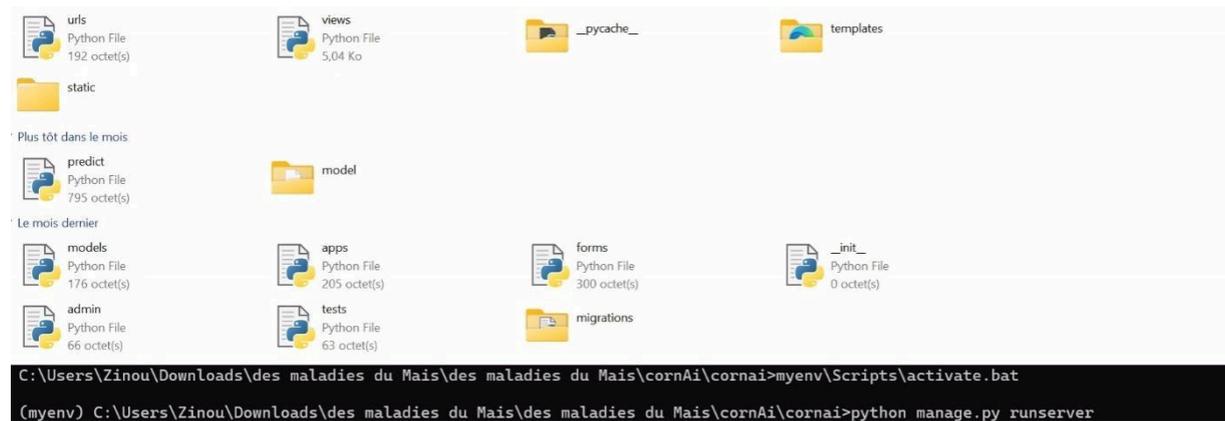
```
1 const hamburger = document.querySelector('.hamburger')
2 const navLinks = document.querySelector('.nav-links')
3 hamburger.addEventListener('click', () => {
4   navLinks.classList.toggle('active')
5 })
6
```

**Figure 30:** JavaScript.

### ✓ Les fichiers de l'application

Cette capture montre la structure typique d'un projet Django avec ses composants distincts et ses principaux composants lesquels :

Dossiers et fichiers racine : manage.py, settings.py, urls.py. Dossiers d'applications : models.py, views.py, forms.py, tests.py, migrations, et d'autres dossier comme templatesstatic et média où on met les fichiers html css et ou on peut stocker les images.



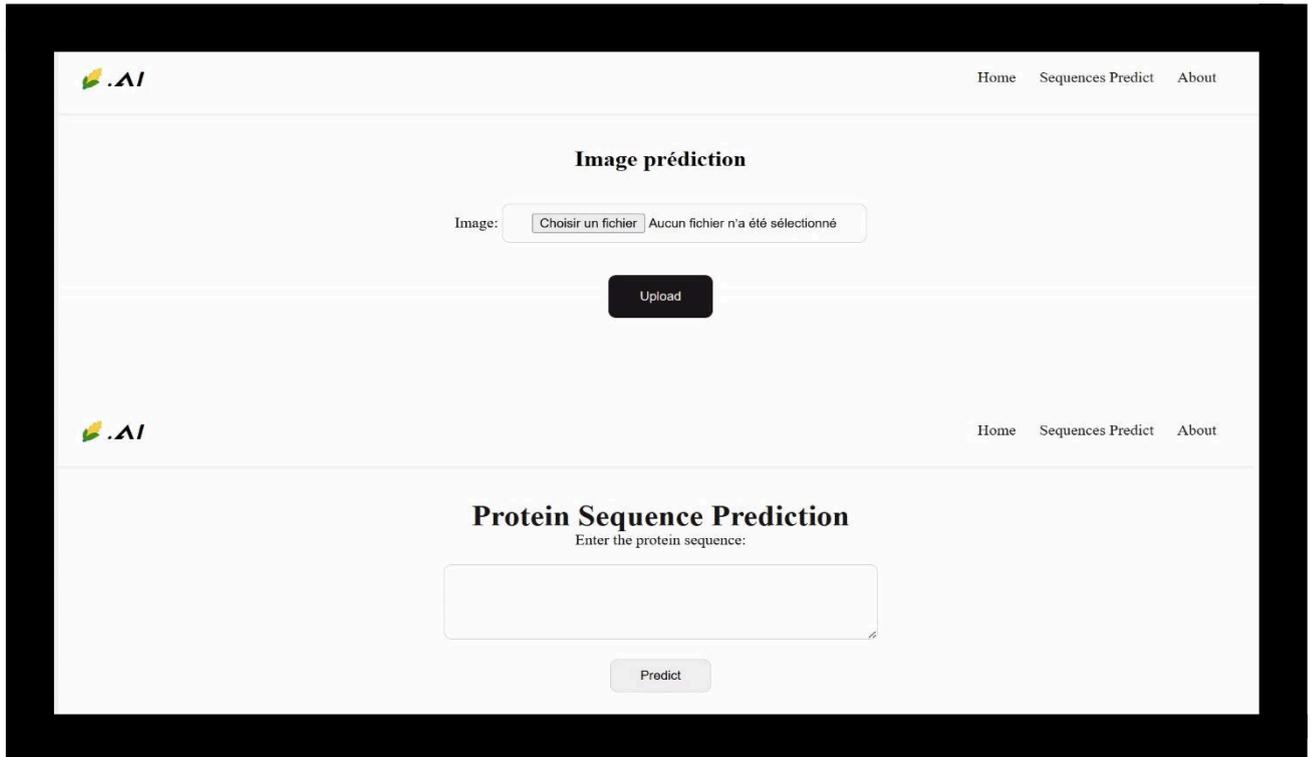
**Figure 31:** Les fichiers connectés avec Django et l’activation.

### 3.5 L’interface

Nous avons pu créer deux interfaces utilisateur interconnectées, une pour les images et une pour les séquences protéiques, qui ressemblent à ceci.

- ✓ Prédiction par image: Cette interface permet aux utilisateurs de prédire si la feuille du maïs est malade à partir d’une image, elle propose un bouton « upload » qui permet aux utilisateurs de télécharger une image à partir de leur appareil. Une fois l’image est téléchargée, le model effectuera une prédiction basée sur l’image.
- ✓ Prédiction par séquence: cette interface propose aux utilisateurs un champ de texte où ils peuvent entrer une séquence protéique, après avoir saisi la séquence les utilisateurs peuvent cliquer sur le bouton « predict » pour obtenir le résultat qui désigne si la séquence protéique est infectée par le MSV ou non.

- Les deux interfaces sont montrées dans la figure suivante :

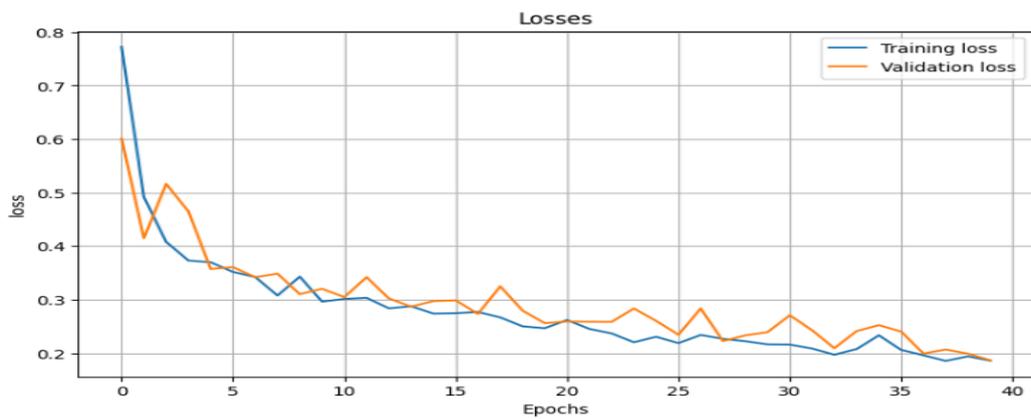


**Figure 32:** Les deux interfaces.

## 4. Résultat

### 4.1 Modèle de classification par image

#### 4.1.1 Diagramme de perte (Training Loss et Validation Loss)



**Figure 33:** Diagramme de Perte (Training Loss et Validation Loss).

Training Loss (perte d'entraînement) : Cette courbe montre comment la perte du modèle diminue sur les données d'entraînement à chaque époque. Une diminution constante

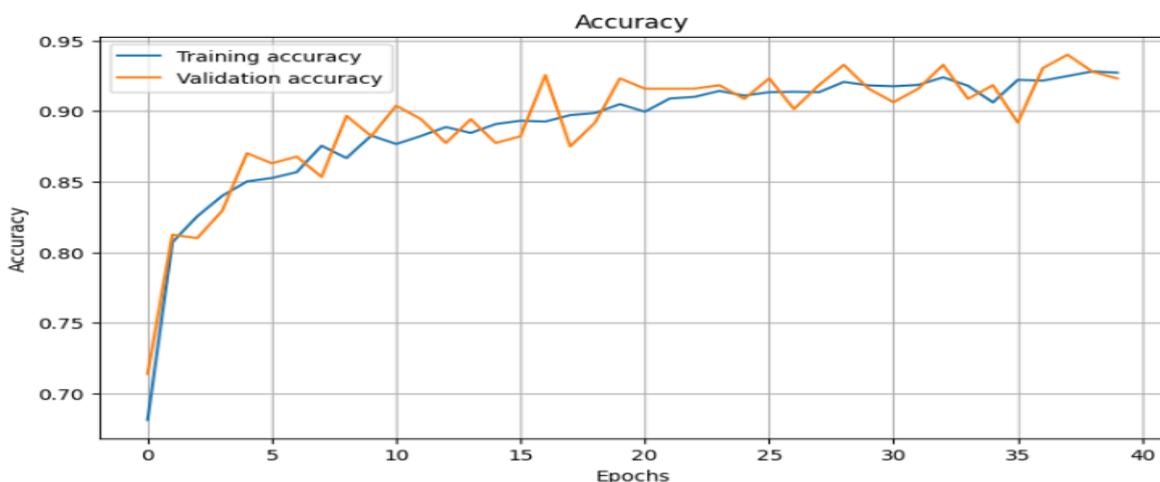
de la perte d'entraînement indique que le modèle s'améliore en ajustant ses paramètres pour mieux correspondre aux données d'entraînement.

Validation Loss (perte de validation) : Cette courbe montre comment la perte du modèle évolue sur les données de validation, qui ne sont pas utilisées pour l'entraînement direct. Idéalement, cette courbe devrait également diminuer.

### 4.1.2 Diagramme de précision (Training Accuracy et Validation Accuracy)

Training Accuracy (précision d'entraînement) : Cette courbe montre comment la précision du modèle s'améliore sur les données d'entraînement à chaque époque. Une augmentation de la précision d'entraînement signifie que le modèle devient de plus en plus capable de classifier correctement les données d'entraînement.

Validation Accuracy (précision de validation) : Cette courbe montre la précision du modèle sur les données de validation. Idéalement, cette précision devrait également augmenter au fil des époques.

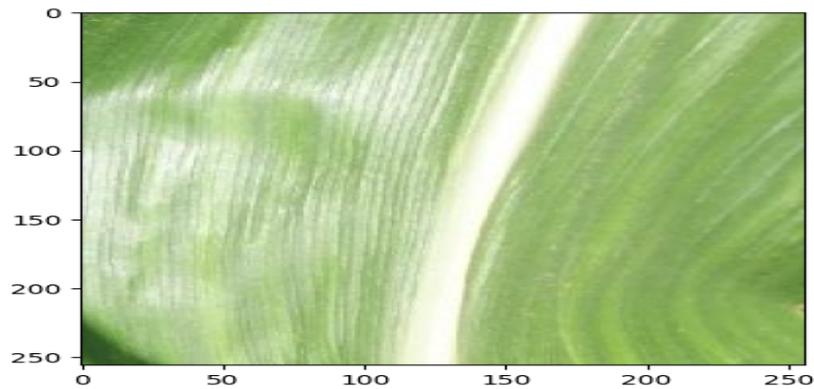


**Figure 34:** Diagramme de Précision (Training Accuracy et Validation Accuracy).

### 4.1.3 Prédiction d'Image à l'aide du Modèle Entraîné

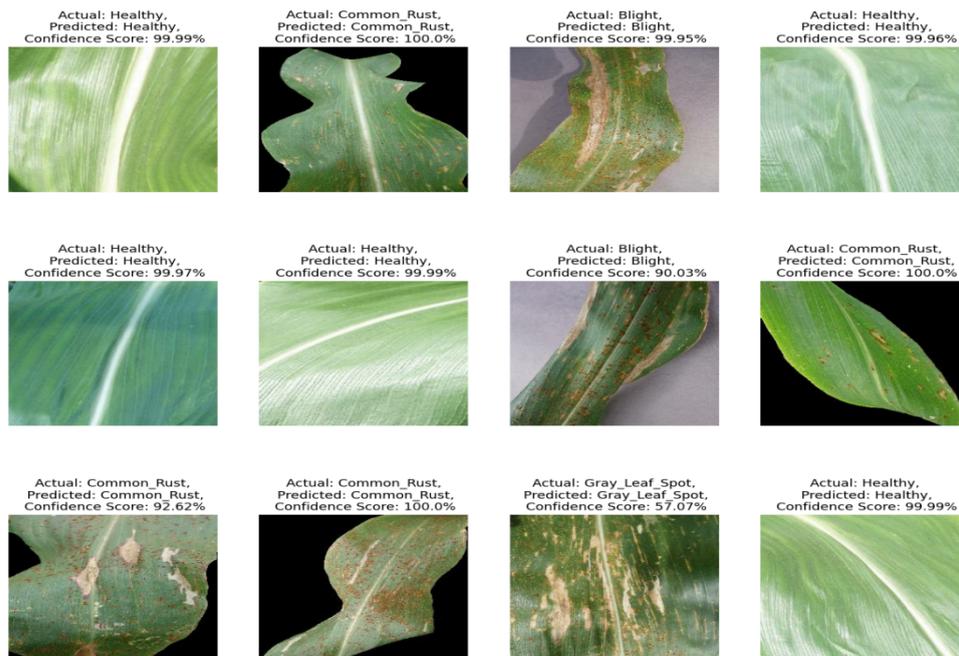
Cette section du code effectue une prédiction sur un échantillon d'images du jeu de données de test. La première image du lot est sélectionnée et affichée, accompagnée de son étiquette réelle "Healthy". Ensuite, le modèle prédit l'étiquette pour cette image, qui se révèle

être également "Healthy". Cette prédiction correcte démontre la capacité du modèle à reconnaître avec précision l'état de santé représenté dans l'image.



**Figure 35:** Image Classifiée comme "Healthy" par le Modèle.

#### 4.1.4 Visualisation des prédictions sur un échantillon d'images de test



**Figure 36:** Prédictions du modèle sur un échantillon d'images de test.

La figure précédente présente un échantillon de 12 images du jeu de données de test, accompagné des prédictions du modèle de classification. Chaque image est affichée avec sa classe réelle, la classe prédite par le modèle et le score de confiance associé. Cette visualisation permet de comprendre comment le modèle se comporte lorsqu'il est confronté à des images de test et offre un aperçu de ses performances en termes de classification d'images.

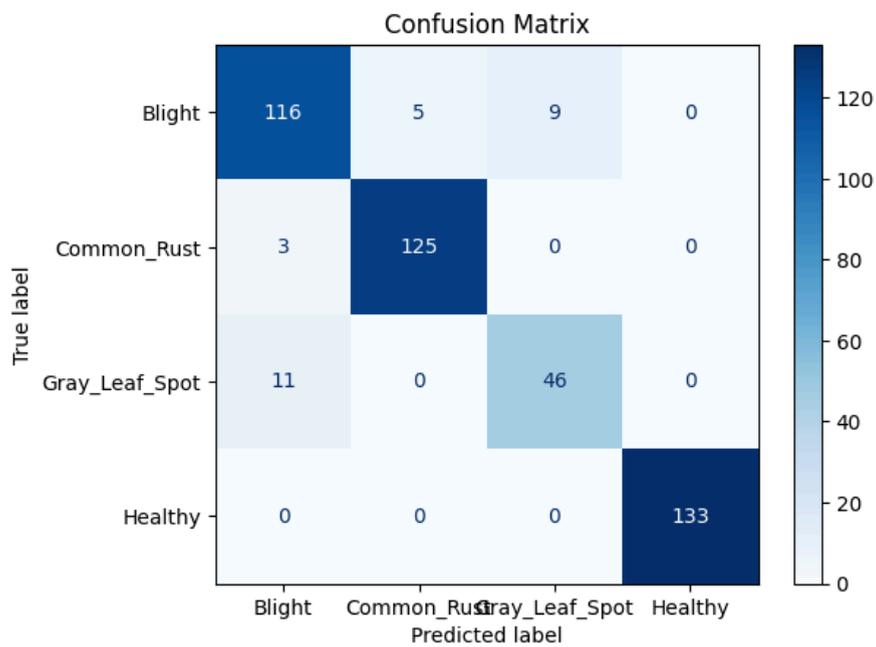
✓ Ensuite nous avons enregistré le modèle.

Le tableau suivant montre les valeurs importantes du modèle :

**Table 7:** Les valeurs des paramètres utilisés.

Paramètre	Valeur
Accuracy	0.927
Vallaccuracy	0.923
Loss	0.186
Valloss	0.186

#### 4.1.5 Matrice de confusion d'image



**Figure 37:** Matrice de confusion d'image.

Une matrice de confusion est une matrice utilisée en édition pour évaluer la forme d'un algorithme de classification, ceci est particulièrement utile lors de l'évaluation des performances d'un modèle sur une base de données bien connue.

Cette matrice montre la performance de notre modèle de classification sur le jeu de données de test. On peut expliquer ces résultats :

### ✓ Étiquettesréelles

Les lignes représentent les étiquettes réelles des échantillons de test et les classes sont : Blight (Brûlure), Common\_Rust (Rouille Commune), Gray\_Leaf\_Spot(Tache Foliaire Grise), et Healthy (Sain).

### ✓ Étiquettes Prédites :

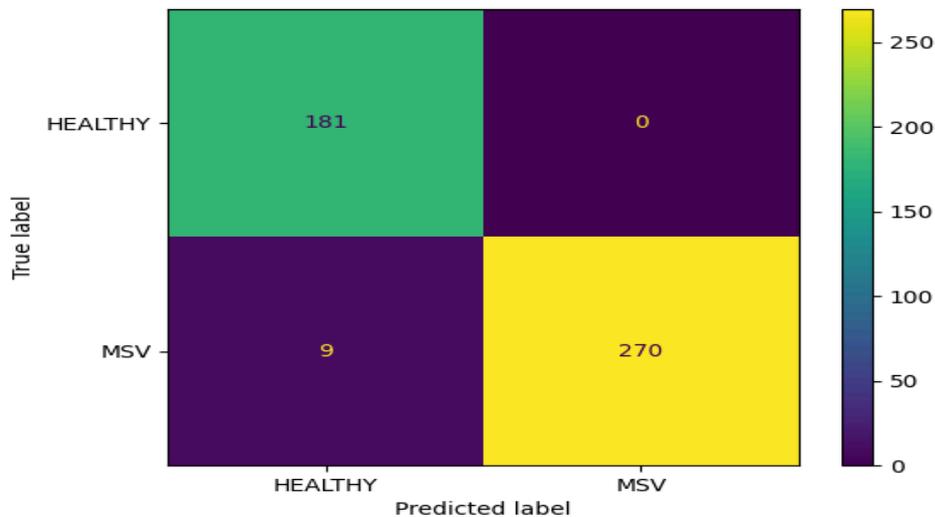
Les colonnes représentent les étiquettes prédites par le modèle et les classes sont : Blight (Brûlure), Common\_Rust (Rouille Commune), Gray\_Leaf\_Spot (Tache Foliaire Grise), et Healthy (Sain).

### ✓ Explication

Le modèle fonctionne bien pour les classes "Common\_Rust" et "Healthy" avec respectivement 125 et 133 classifications correctes et aucune mauvaise classification. La classe "Blight" a quelques mauvaises classifications avec 5 échantillons prédits comme "Common\_Rust" et 9 échantillons prédits comme "Gray\_Leaf\_Spot". La classe "Gray\_Leaf\_Spot" a plus de mauvaises classifications, avec 11 échantillons prédits comme "Blight".

Dans l'ensemble, le modèle semble bien fonctionner mais montre une certaine confusion entre les classes "Blight" et "Gray\_Leaf\_Spot". Cela pourrait être une zone à améliorer pour de meilleures performances du modèle.

#### 4.1.6 Matrice de confusion de séquence



**Figure 39:** Matrice de confusion des séquences.

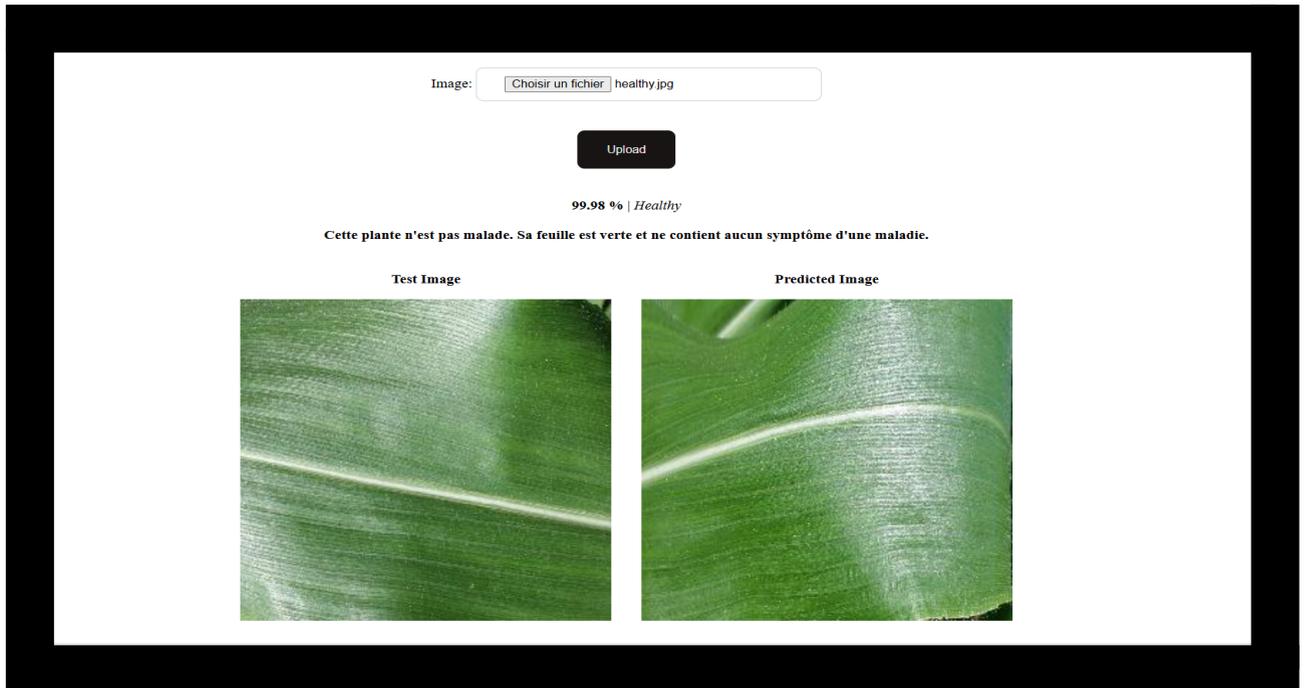
La matrice de confusion joue un rôle important dans l'évaluation des performances d'un modèle. Elle nous permet de comparer les prédictions du modèle avec les valeurs réelles de nos données de test, nous donnant ainsi un aperçu détaillé des erreurs de classification qui se produisent. Organisée sous forme de tableau bidimensionnel, les lignes représentent les classes réelles et les colonnes représentent les classes prédites par le modèle. Chaque cellule de la matrice contient le nombre d'instances appartenant à une classe réelle et prédite particulière. La diagonale principale représente les séquences correctement prédites (vrais positifs : VP), et les éléments en dehors de la diagonale indiquent des erreurs (faux négatifs : FN). Par exemple, dans notre matrice, sur 279 cas prédits avec une étiquette particulière, 270 étaient corrects (VP) et 9 incorrects (FN). Cette analyse détaillée vous permet de bien comprendre les performances de votre modèle et d'identifier les domaines à améliorer.

#### 4.2 La plateforme

Nous avons pu créer deux interfaces utilisateur interconnectées : une dédiée à l'analyse des images de plantes de maïs et une autre pour l'évaluation des séquences protéiques. L'interface d'analyse d'images permet aux utilisateurs de soumettre des photos de leurs plantes et il montre l'état de la plante et le taux d'apparition de maladies, tandis que l'interface de séquences protéiques accepte des données biologiques pour une analyse

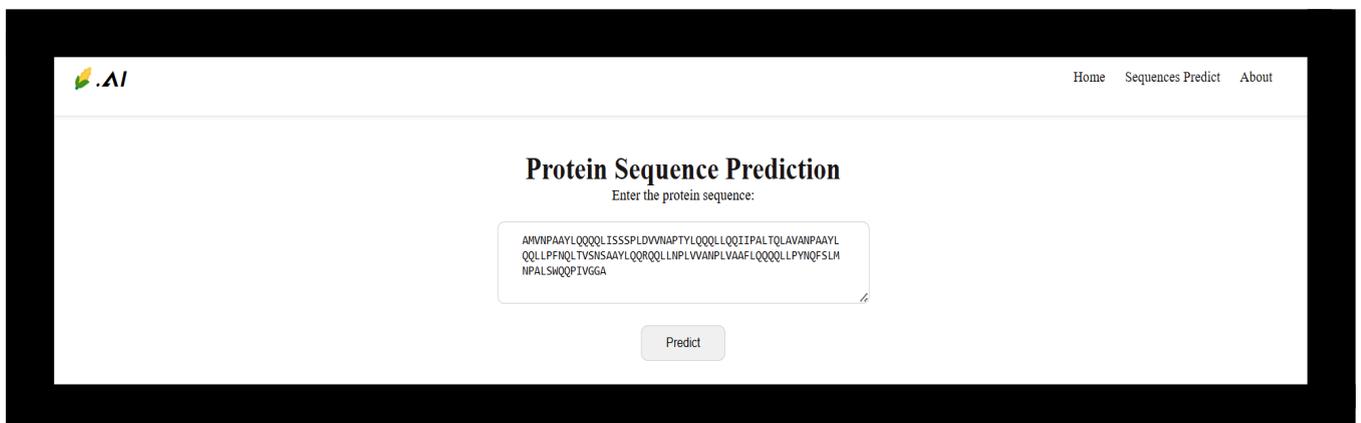
approfondie et répondu si elle a une maladie ou non. Ces deux interfaces offrant aux agriculteurs et aux chercheurs un outil complet et intégré pour diagnostiquer et gérer les maladies des plantes de manière efficace et précise.

Les utilisateurs téléchargent une image et reçoivent une évaluation précise avec un pourcentage de confiance. Voici l'image suivante :



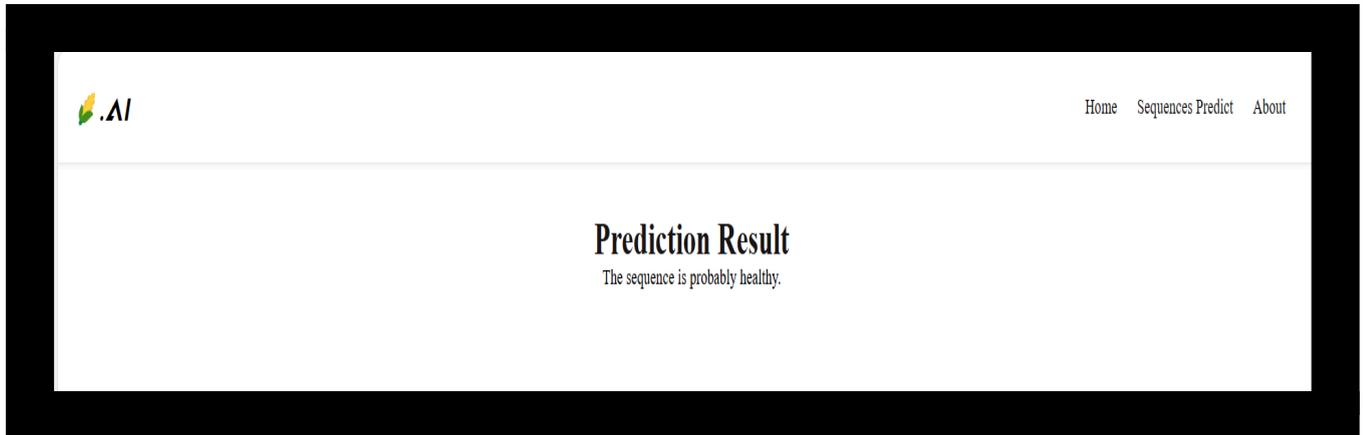
**Figure 40:** résultat de la prédiction d'image.

Concernant l'interface des séquences protéiques elle contient un champ de texte où l'utilisateur peut mettre la séquence d'acides aminés.



**Figure 41:** mettez la séquence pour la prédiction.

Une fois l'utilisateur clique sur le bouton (predict), le modèle associée à notre interface va comparer la séquence mettez avec ces données déjà entrainé sur.



**Figure 42:** résultat de la prédiction de séquence.

## 5. Discussion

Les résultats de classification des images présentés dans les graphiques et les figures précédents présentent les performances de notre modèle dans la prévision des maladies de maïs à l'aide de l'ensemble de données. Après un entraînement de 40 époques, notre modèle a atteint des valeurs d'exactitude et de précision remarquables. À la dernière époque, le modèle a démontré une précision de 92.7% respectivement sur les données de formation et 92.23% de validation, ainsi qu'une faible valeur de perte de 0,18.

Ces résultats sont très encourageants et démontrent que nos méthodes nous ont permis d'atteindre un haut niveau d'exactitude dans les prédictions et d'évaluer l'efficacité du modèle à minimiser les erreurs. La capacité de notre modèle à prédire avec précision les maladies de maïs montre l'importance de nos travaux dans le domaine de la prédiction des

maladies de maïs. En utilisant un dataset de maïs, qui comprend 4 classes, 3 de maladies et 1 sain, précédemment utilisées dans des études similaires, nous avons pu capitaliser sur les nombreuses données disponibles à des fins de formation et de tests.

L'utilisation de l'architecture CNN personnalisée dans notre modèle a contribué à son succès. Cette architecture a été conçue spécifiquement pour la tâche de classification des maladies des feuilles de maïs. Elle a été efficace pour extraire des caractéristiques pertinentes des images de feuilles de maïs, permettant ainsi au modèle de réaliser des prédictions précises. Les couches de convolution, de pooling et les couches entièrement connectées ont été stratégiquement configurées pour capturer les motifs significatifs dans les images et pour générer des prédictions fiables. Dans l'ensemble, les résultats obtenus mettent en évidence le potentiel du modèle à aider les agriculteurs et les professionnels agricoles à prendre des décisions éclairées liées au contrôle et à la gestion des maladies.

Nous avons aussi utilisé un modèle d'apprentissage profond, en particulier des réseaux de neurones convolutifs (CNN), pour distinguer avec précision les séquences infectées et saines.

Ce modèle d'apprentissage profond est particulièrement adapté à cette tâche car il peut capturer des modèles complexes dans les données.

Les performances du modèle ont été évaluées à l'aide de mesures standard telles que l'exactitude, la sensibilité et la spécificité.

Notre modèle d'apprentissage profond a montré une excellente précision de 98,04 %, démontrant son efficacité à classer correctement les séquences de protéines de maïs en fonction de leur état de santé.

Cette haute performance met en évidence la robustesse de notre approche et son potentiel d'utilisation dans des applications réelles.

L'interface interactive que nous avons développée permet aux utilisateurs de soumettre une séquence protéique de maïs et de recevoir une prédiction instantanée concernant leur statut (infection par le MSV ou healthy).

L'interface est conçue pour être conviviale et offre une visualisation claire des résultats et des informations supplémentaires sur la fiabilité de chaque prédiction.

L'analyse des résultats obtenus montre que notre modèle est capable d'identifier les séquences protéiques infectées par le MSV avec une grande précision. Cette capacité à faire des prévisions fiables sera inestimable pour les chercheurs en agriculture, car elle permettra de détecter rapidement et efficacement les infections virales dans les cultures de maïs, ce qui permet une intervention rapide pour limiter les pertes de récolte. Bien que notre étude se concentre spécifiquement sur le maïs, la méthodologie que nous avons développée peut également être appliquée à d'autres pathogènes et plantes.

**Table 8:** Comparaison du notre travail avec d'autre méthode de prédiction.

	<b>Nombre des séquences générée</b>	<b>Méthode utilisée</b>	<b>Accuracy</b>
<b>Notre travail</b>	2297	Réseau neurones convolutifs	98.04%
<b>Prédiction d'Arnm et protéines de maïs[47].</b>	11188	Randomforest	91%

***Conclusion et  
Perspective***

### CONCLUSION ET PERSPECTIVES

En conclusion, dans cette étude, nous avons intégré des techniques de bio-informatique et d'imagerie et développé une interface avancée pour prédire les maladies du maïs à l'aide de l'apprentissage profond. Nos principaux objectifs étaient d'améliorer la précision et l'efficacité du diagnostic de trois maladies spécifiques du maïs à l'aide du traitement d'images et de prédire une quatrième maladie à l'aide de l'analyse des séquences protéiques.

Grâce à une technologie d'imagerie de pointe, nous avons pu recueillir des données détaillées sur la santé des plants de maïs. Ces données d'image ont servi de base à la formation d'un modèle d'apprentissage profond. Des réseaux de neurones convolutifs (CNN) ont été utilisés pour traiter les données d'image afin d'identifier les marqueurs spécifiques à la maladie avec une grande précision. L'intégration de l'apprentissage profond dans les processus de diagnostic s'est avérée transformatrice.

En entraînant le modèle sur un vaste ensemble de données d'images annotées, le système a pu distinguer de manière fiable les plantes saines et malades. La précision de ces modèles a été validée par rapport à des références qualificatives établies et leur efficacité a été démontrée dans des applications réelles. En plus du traitement des images, nous avons incorporé une analyse de séquence protéique pour prédire la quatrième maladie.

Cette approche innovante combine des données génétiques et des images pour fournir une compréhension plus complète de la dynamique de ces maladies.

En analysant les séquences, notre interface peut prédire les épidémies potentielles et fournir une alerte précoce, afin que vous puissiez prendre des mesures préventives pour protéger vos cultures. Le développement réussi de cette interface représente une avancée majeure dans le domaine de la bio-informatique, car notre outil améliore non seulement la précision du diagnostic des maladies, mais introduit également un élément prédictif qui peut améliorer considérablement les stratégies de gestion et de protection des cultures.

Comme perspectives, nous envisageons l'amélioration du modèle par la détection et la prévision précoces des maladies qui sont essentielles pour éviter des pertes de récoltes à grande échelle et garantir la sécurité alimentaire.

L'impact de notre travail s'étend au-delà des maladies du maïs, car les méthodes et techniques développées dans cette étude peuvent être appliquées dans la biologie, l'agriculture, la pharmacie et l'industrielle.

Par l'intégration d'autres modèles d'intelligence artificielle, prédiction d'autres maladies qui n'ont pas été abordées dans ce travail. Nous pouvons travailler sur d'autres types de céréales comme le blé, le seigle, le riz, l'avoine ... etc.

En résumé, ce projet met en évidence le grand potentiel de la combinaison de l'apprentissage profond et de la bio-informatique. En créant une interface permettant de diagnostiquer et de prédire avec précision les maladies du maïs, nous ouvrons la voie à une approche plus avancée et basée sur les données de la gestion des cultures.

# ***Références***

## Liste des références

- [1] Horizon Documentation. Titre du document : Le maïs [PDF]. Horizon Documentation. Consulté le 02 mars 2024 disponible sur : [https://horizon.documentation.ird.fr/exl-doc/pleins\\_textes/divers09-03/010012934.pdf](https://horizon.documentation.ird.fr/exl-doc/pleins_textes/divers09-03/010012934.pdf)
- [2] Afric Mémoire. 2015. Chapitre I : Généralité sur le maïs. Consulté le 02 mars 2024, à partir de <https://www.africmemoire.com/part.2-chap-i-generalite-sur-le-mais-689.html>
- [3] Morel et al. 2018. Progrès récents en génétique et amélioration du maïs pour la résistance aux maladies. Perspectives Agricoles, 397, 1-14. Consulter le 02 mars 2024
- [4] SEMAE Pédagogie. 2019. L'importance économique de la production du maïs. Consulté le 02 mars 2024, à partir de <https://www.semae-pedagogie.org/sujet/mais-importance-economique/>
- [5] Le Sillon. 21 novembre 2022. Histoire : 400 ans de maïsiculture dans le Sud-Ouest. Consulté le 02 mars 2024, récupéré sur <https://www.lesillon.info/histoire-400-ans-de-maisiculture-dans-le-sud-ouest>
- [6] Semences de France. 2020. Les besoins du maïs. Semences de France. Consulté le 03 mars 2024 sur : <https://www.semencesdefrance.com/dossier/les-besoins-du-mais/>
- [7] L'Usine Nouvelle. 29 février 2008. Le génome du maïs décrypté. L'Usine Nouvelle. Consulté le : 03 mars 2024 sur : <https://www.usinenouvelle.com/article/le-genome-du-mais-decode.N23188>
- [8] Futura Sciences. 2005. 1454 gènes d'intérêt agronomique identifiés sur les chromosomes du maïs. FuturaSciences.consulté : le 03 mars 2024 Disponible sur : <https://www.futura-sciences.com/planete/actualites/botanique-1454-genes-interet-agronomique-chromosomes-mais-6804/>
- [9] Panzarini, V., Scaglione, D., Piva, A., Sanguineti, M. C., & Tonti, S. 2022. Diversity and Pathogenicity of Fusarium Species Associated with Stalk and Crown Rot in Maize in Northern Italy. *Plants*, 11(1), 123. Consulter le 04 mars 2024 sur : <https://doi.org/10.3390/plants11010123>

- [10] INRAE. 2018, 11 janvier. Anticiper les risques futurs de développement des maladies fongiques dans les cultures. Consulter le 04 mars 2024 sur : <https://www.inrae.fr/en/news/anticipating-future-risks-fungal-disease-development-crops>
- [11] Coulibaly, K., Ouattara, A., Soro, S., Gogbe, F., N'guessan, W. P., Acka, K., Kouame, N., Tah, M., Guiraud, B., Assi, M., Kone, D., Konate, I., & N'guessan, F. 2021. Biological control of *Helminthosporium* mays responsible of maize (*Zea mays* L.) helminthosporiosis through the application of essential oils of *Eucalyptus citriodora* and *Ocimum gratissimum* in Côte d'Ivoire. *International Journal of Current Microbiology and Applied Sciences*, 10(7), 642-654. Consulter le 05 mars sur : <https://doi.org/10.20546/ijcmas.2021.1007.070>
- [12] Arvalis. 2012. Choisir Mais Ouest 2012 : Maladies du maïs [PDF]. Arvalis. Consulté 07 mars 2024. Sur : [https://www.arvalis.fr/sites/default/files/imported\\_files/choisir\\_mais\\_ouest\\_2012\\_maladies\\_du\\_mais8769386831433995426.pdf](https://www.arvalis.fr/sites/default/files/imported_files/choisir_mais_ouest_2012_maladies_du_mais8769386831433995426.pdf)
- [13] IRIIS Phytoprotection 2024. Champignon : *Colletotrichum graminicola*. Récupéré le 9 mars, 2024, de <https://www.iriisphytoprotection.qc.ca/Fiche/Champignon?imageId=1399>
- [14] Brefort, T., Doehlemann, G., Mendoza-Mendoza, A., Reissmann, S., Djamei, A., & Kahmann, R. 2009. *Ustilago maydis* as a pathogen. *Annual Review of Phytopathology*, 47, 423–445. Consulter le 11 mars 2024. Disponibles sur : <https://doi.org/10.1146/annurev.phyto.47.081307.104756>
- [15] Bailey, K. L., Couture, L., Gossen, B. D., Gugel, R. K., & Morrall, R. A. A. (Eds.). 2004. Rouille commune du maïs. Dans *Maladies des grandes cultures au Canada* (1ère éd., pp. 61-62. La Société Canadienne de Phytopathologie, Saskatoon. Consulter le 15 mars. Récupéré de : <https://phytopath.ca/publications/diseases-of-field-crops-in-canada>
- [16] Indian Institute of Maize Research. 2024. Major Diseases of Maize. Consulté le 04 avril 2024. Récupéré sur [https://iimr.icar.gov.in/?page\\_id=2134](https://iimr.icar.gov.in/?page_id=2134)
- [17] Lipps, P. E. 1995. Gray Leaf Spot of Corn. *Proceedings of the Integrated Crop Management Conference*, 11934328. Consulter le 05 avril 2024. Récupéré sur : <https://doi.org/10.31274/icm-180809-487>
- [18]. Crop Protection Network. 03/19/2019. Gray Leaf Spot of Corn. Consulté le 07 avril 2024 Récupéré sur <https://cropprotectionnetwork.org/encyclopedia/gray-leaf-spot-of-corn>

- [19] Shepherd, D. N., Martin, D. P., Van Der Walt, E., Dent, K., Varsani, A., & Rybicki, E. P. 2010. Maize streak virus : An old and complex ‘emerging’ pathogen. *Molecular Plant Pathology*, 11(1), 1-12. Consulter le 10 avril sur : <https://doi.org/10.1111/j.1364-3703.2009.00568.x>
- [20] .Regenmortel, M. H. V. van, & Mahy, B. W. J. 2009. Desk Encyclopedia of Plant and Fungal Virology. Academic Press .Consulter le 11 avril 2024 sur :  
[https://books.google.dz/books?hl=fr&lr=&id=8Mnnr-\\_mtlwC&oi=fnd&pg=PA209&dq=maize+streak+virus+morphology&ots=eHy7YwumFv&sig=jWJZdd12rLq7JIWVVgHIns2ysak&redir\\_esc=y#v=onepage&q=maize%20streak%20virus%20morphology&f=false](https://books.google.dz/books?hl=fr&lr=&id=8Mnnr-_mtlwC&oi=fnd&pg=PA209&dq=maize+streak+virus+morphology&ots=eHy7YwumFv&sig=jWJZdd12rLq7JIWVVgHIns2ysak&redir_esc=y#v=onepage&q=maize%20streak%20virus%20morphology&f=false)
- [21] SR, V. 2023, octobre 25. L’Intelligence Artificielle—IA, les différentes approches et types. VIRTUAL SR.Consulter le 15 avril 2024 sur :  
<https://www.virtual-sr.com/2023/10/25/lintelligence-artificielle-ia-les-differentes-approches-et-types/>
- [22] Felouh, Br., & Bousba, Fa. N. 2019. Fouille de web basée sur les méthodes d’apprentissage automatique et d’apprentissage profond [Thesis]. Consulter le 14 avril 2024 sur :  
<https://repository.esi-sba.dz/jspui/handle/123456789/254>
- [23] McCulloch, W. S., & Pitts, W. 1943. A logical calculus of the ideas immanent in nervous activity. *The Bulletin of Mathematical Biophysics*, 5(4), 115-133. Consulter le 16 avril 2024 sur :  
<https://doi.org/10.1007/BF02478259>
- [24] Introduction à l’apprentissage profond (deep learning) de l’intelligence artificielle—. (s. d.). Consulté le 16 mai 2024, à l’adresse :  
<https://culturesciencesphysique.ens-lyon.fr/IA-apprentissage-Rousseau.xml>
- [25] Maurice, B. 2018, septembre 15. Fonctionnement du neurone artificiel. Deeply Learning. Consulter le 16 avril 2024 à partir de :  
<https://deeplylearning.fr/cours-theoriques-deep-learning/fonctionnement-du-neurone-artificiel/>
- [26] Briot, J.-P. 2019. Apprentissage profond et génération musicale. *Bibliothèque Tangente*, 68, 30. Consulter le 18 avril 2024 sur :  
<https://hal.sorbonne-universite.fr/hal-02267790/>
- [27] Min, S., Lee, B., & Yoon, S. 2016. Deep learning in bioinformatics. *Briefings in Bioinformatics*, bbw068. Consulter le 19 Avril 2024 sur : <https://doi.org/10.1093/bib/bbw068>

- [28] Li, H., Tian, S., Li, Y., Fang, Q., Tan, R., Pan, Y., Huang, C., Xu, Y., & Gao, X. 2020. Modern deep learning in bioinformatics. *Journal of Molecular Cell Biology*, 12(11), 823-827. Consulter le 19 Avril 2024 sur: <https://doi.org/10.1093/jmcb/mjaa030>
- [29] DataScientest. 20 Jul 2020. Descente de gradient. Consulté le 21 mai 2024. Récupéré sur : <https://datascientest.com/descente-de-gradient>
- [30] Yamashita, R., Nishio, M., Do R. K. G., & Togashi, K. 2018. Convolutional neural networks : An overview and application in radiology. *Insights into Imaging*, 9(4), 611-629. Consulter le 21 Avril 2024 sur : <https://doi.org/10.1007/s13244-018-0639-9>
- [31] Yu, H., Qi, Y., & Ding, Y. 2022. Deep Learning in RNA Structure Studies. *Frontiers in Molecular Biosciences*, 9. Consulter le 23 Avril 2024 sur : <https://doi.org/10.3389/fmolb.2022.869601>
- [32] Angermueller, C., Pärnamaa, T., Parts, L., & Stegle, O. 2016. Deep learning for computational biology. *Molecular Systems Biology*, 12(7), 878. Consulter le 24 Avril 2024 sur: <https://doi.org/10.15252/msb.20156651>
- [33] UniProt 2002-2024 UniProtKB:Zeamays (Maize). Consulter le 26 Avril 2024 à l'adresse : [https://www.uniprot.org/uniprotkb?query=%22zea+mays%22+AND+%28taxonomy\\_id%3A4577%29&facets=reviewed%3Atrue](https://www.uniprot.org/uniprotkb?query=%22zea+mays%22+AND+%28taxonomy_id%3A4577%29&facets=reviewed%3Atrue)
- [34] What is Python? Executive Summary 2024. Python.Org. Consulté le 26 Avril 2024, à l'adresse : <https://www.python.org/doc/essays/blurb/>
- [35] HTML (HyperText Markup Langage) : Définition, traduction. 2019, janvier 10. Consulter le 28 Avril 2024 sur : <https://www.journaldunet.fr/web-tech/dictionnaire-du-webmastering/1203255-html-hypertext-markup-langage-definition-traduction/>
- [36] Que signifie CSS et qu'elle est sa définition ? Glossaire. (s. d.). AT Internet. Consulté 28 avril 2024, à l'adresse : <https://www.atinternet.com/glossaire/css/>

- [37] Guha, A., Saftoiu, C., & Krishnamurthi, S. 2010. The Essence of JavaScript. In T. D'Hondt (Éd.), ECOOP 2010 – Object-Oriented Programming (p. 126-150). Springer. Consulté le 1 mai 2024 sur: [https://doi.org/10.1007/978-3-642-14107-2\\_7](https://doi.org/10.1007/978-3-642-14107-2_7)
- [38] Rubio, D. 2017. REST Services with Django. In D. Rubio (Éd.), Beginning Django : Web Application Development and Deployment with Python (p. 549-566). Consulté le 02 mai 2024 sur : [https://doi.org/10.1007/978-1-4842-2787-9\\_12](https://doi.org/10.1007/978-1-4842-2787-9_12)
- [39] Google. Foire aux questions (FAQ) de Google Colaboratory. Consulté le 04 Mai 2024. Récupéré sur <https://research.google.com/colaboratory/faq.html?hl=fr>
- [40] Del Sol, A. 2021. Visual Studio Code Distilled : Evolved Code Editing for Windows, macOS, and Linux. Apress. Consulté le 05 Mai 2024 à partir de : <https://doi.org/10.1007/978-1-4842-6901->
- [41] Matplotlib. 2023 14 juin. Visualisation avec Python. Consulté le 07 mai 2024. Disponible sur : <https://matplotlib.org/>
- [42] GeeksforGeeks. 2024. Introduction to TensorFlow. Consulté le 09 mai 2024. Récupéré sur <https://www.geeksforgeeks.org/introduction-to-tensorflow/>
- [43] GeeksforGeeks. 2024. Python Numpy. Consulté le 10 mai 2024. Récupéré sur <https://www.geeksforgeeks.org/python-numpy/>
- [44] McKinney, W. 2011. pandas : A Foundational Python Library for Data Analysis and Statistics. Python High Performance Science Computer. Consulté le 11 mai sur 2024 à partir de : [https://www.researchgate.net/profile/Wes-Mckinney/publication/265194455\\_pandas\\_a\\_Foundational\\_Python\\_Library\\_for\\_Data\\_Analysis\\_and\\_Statistics/links/5670827c08ae0d8b0cc0f3cc/pandas-a-Foundational-Python-Library-for-Data-Analysis-and-Statistics.pdf](https://www.researchgate.net/profile/Wes-Mckinney/publication/265194455_pandas_a_Foundational_Python_Library_for_Data_Analysis_and_Statistics/links/5670827c08ae0d8b0cc0f3cc/pandas-a-Foundational-Python-Library-for-Data-Analysis-and-Statistics.pdf)
- [45] DataScientest. 2021, 18 juin. Keras. Consulté le 13 mai 2024, sur <https://datascientest.com/keras>
- [46] GeeksforGeeks. 2024, 21 mars. Learning Model Building in Scikit-learn: A Python Machine Learning Library. Récupéré le 15 mai 2024, sur : <https://www.geeksforgeeks.org/learning-model-building-scikit-learn-python-machine-learning-library/>

- [47] Cho, K. T., Sen, T. Z., & Andorf, C. M. 2022. Predicting Tissue-Specific mRNA and Protein Abundance in Maize: A Machine Learning Approach. *Frontiers in Artificial Intelligence*, 5. Consulté 24 Mai 2024 sur : <https://doi.org/10.3389/frai.2022.830170>
- [48] Maïs—Définition et Explications. *Techno-Science.net*. Consulté 05 mars 2024, à l'adresse : <https://www.techno-science.net/glossaire-definition/Mais.html>
- [49] Kaggle : Your Machine Learning and Data Science Community. Consulté 06 mars 2024, à l'adresse : <https://www.kaggle.com/>
- [50] Ao-descente-gradient. *Bing*. Consulté 21 mai 2024, à l'adresse : [R.bfc374745049ec16da11c63ae72306a8 \(406x339\) \(bing.com\)](https://www.bing.com/search?q=Ao-descente-gradient&FORM=QBLH&R.bfc374745049ec16da11c63ae72306a8(406x339)(bing.com))
- [51] Factsheet—Cicadulinambila (Naude) —MaizeLeafhopper. (s. d.). Consulté 23 avril 2024, à l'adresse : [https://keys.lucidcentral.org/keys/v3/eafrinet/maize\\_pests/key/maize\\_pests/Media/Html/Cicadulina\\_mbila\\_\(Naude\)\\_-Maize\\_Leafhopper.htm](https://keys.lucidcentral.org/keys/v3/eafrinet/maize_pests/key/maize_pests/Media/Html/Cicadulina_mbila_(Naude)_-Maize_Leafhopper.htm)

**Année universitaire : 2023-2024**

**Présenté par : REZKA Zin El Abidine  
BOUNEMER Abdel Moundji  
OUAMEUR Rami Chakib**

**Thème :**

**Méthode d'apprentissage profond pour prédiction computationnelle des maladies du maïs**

**Mémoire pour l'obtention du diplôme de Master en :**

**Bioinformatique**

**Domaine : Science de la nature et la vie**

**Département de Biologie Appliquée**

L'idée de cette étude repose sur l'utilisation de méthodes d'intelligence artificielle pour prédire certaines maladies du maïs, à l'aide de deux approches. La première approche utilise des images et la seconde des séquences protéiques en appliquant la méthode CNN (Convolutional Neural Network). Le modèle basé sur les images a atteint une précision de 92 %, tandis que le modèle basé sur les séquences protéiques a atteint une précision de 98 % pour prédire la maladie du maïs. Cette étude met en évidence le développement de l'intelligence artificielle et le rôle du domaine de la bio-informatique dans l'amélioration de l'agriculture et la compréhension des maladies spécifiques du maïs. Les résultats obtenus ouvrent la voie à de futures recherches visant à intégrer davantage d'outils d'intelligence artificielle pour optimiser la gestion des cultures.

**Mots- clés :** IntelligenceArtificiel, prédiction, maïs, méthodeConvolutional Neural Network(CNN), images, bioinformatique, séquences protéiques, l'apprentissage profond.

**Président du Jury : Dr.BENSAADA Mostafa, université Constantine 1.**

**Encadrant :Dr.GHERBOUDJAmira, université Constantine 1.**

**Examineur : Dr.CEHILI Hamza, université Constantine 1.**

