

Projet de Fin d'Études
Pour obtenir le
Master Recherche en **BIG DATA**

Intitulé

***Détection du Covid-19 à partir de la classification
d'images de pneumonie en utilisant le Deep Learning***

Réalisé et soutenu par

KIBINDA-MOUKENGUE Mikhaël Presley

Encadré par

Professeur Abdeltif EL BYED

Membres du Jury :

Prof. Tarik Nahhal, Université Hassan II
Prof. M.Krichen, Université Hassan II
Prof. W. Adoni, Université Hassan II
Prof. Abdeltif EL BYED, Université Hassan II

Président
Rapporteur
Examineur
Encadrant

Année Universitaire 2020 / 2021

Déclaration :

Ce travail a été effectué en remplissant pleinement les conditions d'obtention d'un Master Recherche.

Je déclare par la présente que, sauf mention contraire, ce travail n'a jamais été présenté en tout ou en partie pour un projet de fin d'étude dans une autre université. Et que tout travail effectué par d'autres ou par moi-même précédemment a été reconnu et référencé en conséquence.



Mikhaël Presley KIBINDA-MOUKENGUE

Dédicace :

Je dédie ce mémoire à ma maman Anne Marie MOUKENGUE que j'aime énormément, tu trouves ici mon amour infini pour toi maman.

Remerciements :

La présente étude n'aurait pas été possible sans les chaleureux soutiens et encouragements de certaines personnes. Il m'est difficile de dire dans les mots qui suivent le rôle qu'elles ont joué à mes côtés pour en arriver là. Cependant, je voudrais les prier de recevoir, ici, tous mes sentiments de gratitude qui viennent du fond de mon cœur, en acceptant mes remerciements.

Mes remerciements sont adressés d'abord, à Dieu Tout Puissant, le Père très Haut de m'avoir accordé le souffle de vie, sans lequel rien ne peut être réalisable.

Je remercie les responsables de African Institute for Mathematical Sciences (AIMS) en général, de AIMS Sénégal en particulier de m'avoir accordé cette bourse d'étude qui m'a permis de vivre des expériences fortes et enrichissantes durant mon séjour au Sénégal.

Je tiens aussi à remercier l'Université Hassan II de Casablanca par le biais d'un de ses laboratoire qui n'est autre que le LIMSAD (Laboratoire d'Informatique et Modélisation de Système d'Aide à la Décision), structure d'accueil dudit stage. Les mots simples étant les plus forts, je vous remercie sincèrement.

De même, j'exprime ma profonde gratitude au Professeur **Abdeltif EL BYED**, PhD de l'université d'Évry et l'Institut National de Télécommunication (INT), de m'avoir accepté, en me confiant et en supervisant ce travail, je lui présente ici toute ma gratitude. Sa gentillesse, sa rigueur et son soutien m'ont beaucoup marqués. Qu'il trouve ici l'expression de ma profonde reconnaissance. Je dis un grand merci car il m'a constamment guidé et épaulé durant ce travail.

Bien que ce travail s'est effectué dans un climat pandémique lié à la crise sanitaire du coronavirus, le rythme de travail et les échanges ont été tout de même très conviviaux. Je ne trouve pas assez de mots pour vous exprimer toute ma reconnaissance, je vous dis merci du fond du cœur. Je ne saurais terminer sans pouvoir adresser mes chaleureux remerciements à toute l'équipe des chercheurs de LIMSAD, veuillez trouver ici toute ma gratitude à votre égard.

Nous remercions également tous nos prédécesseurs qui ont réalisé les travaux sur la détection des cas Covid-19 à partir d'images de radiographie pulmonaire, car leur travaux nous ont beaucoup éclairés pour la réalisation de ladite étude.

Mes remerciements étant non exhaustifs, tous ceux et toutes celles qui ne trouveront pas ici ma gratitude rendue à leurs égards, sachez que je vous remercie de tout cœur pour vos différents apports pour l'aboutissement de ce stage, car réaliser ce type d'étude dans de telles circonstances contribue à la recherche de solutions efficaces pour freiner la propagation de la pandémie de coronavirus 2019.

Table des matières

I - Tableaux et Figures :.....	1
II - Introduction générale :.....	4
III - Méthodologie :.....	7
1 - Ensembles de données :.....	8
2 - Résolution des classes des données déséquilibrées :.....	11
3 - Modèles utilisés pour entraîner les données :.....	11
i - Apprentissage par transfert :.....	11
ii - L'architecture DenseNet :.....	12
iii - L'architecture VGGNet :.....	15
IV - Résultats :.....	17
V - Conclusion et Perspectives :.....	18
VI - Bibliographie :.....	19

I - Tableaux et Figures :

Table 1

Sensitivity for each infection type.

DenseNet121	Sensitivity (%)
Covid-19	100
Pneumonia	89.54
Normal	98.88

VGG16	Sensitivity (%)
Covid-19	94.44
Pneumonia	88.9
Normal	98.51

Table 3

Recall for each infection type.

DenseNet121	Recall (%)
Covid-19	100
Pneumonia	90
Normal	99

VGG16	Recall (%)
Covid-19	94
Pneumonia	89
Normal	99

Table 2

Precision for each infection type.

DenseNet121	Precision (%)
Covid-19	88
Pneumonia	100
Normal	78

VGG16	Precision (%)
Covid-19	94
Pneumonia	99
Normal	76

Table 4

f1-score for each infection type.

DenseNet121	f1-score (%)
Covid-19	94
Pneumonia	94
Normal	87

VGG16	f1-score (%)
Covid-19	94
Pneumonia	94
Normal	86

Table 5

Accuracy for each model.

Model	Accuracy (%)
DenseNet121	92.22
VGG16	91.48

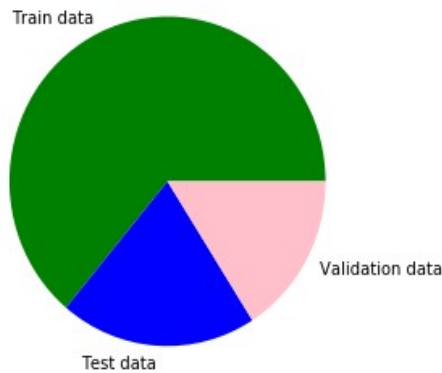


Figure 1 : Répartition de la base des données finale

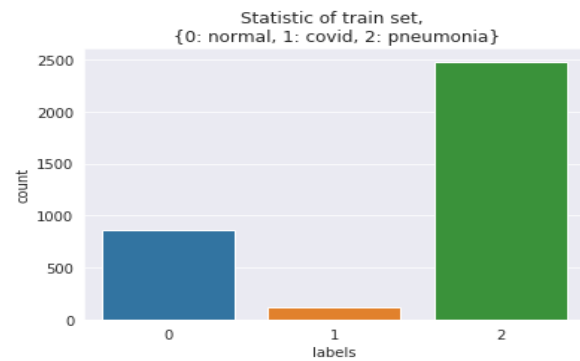


Figure 2 : Effectifs de classes d'images dans l'ensemble d'entraînement (train set)



Figure 3 : Effectifs de classes d'images dans l'ensemble d'évaluation (test set)

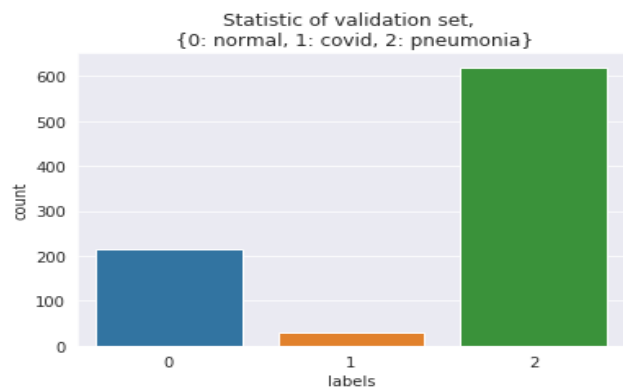


Figure 4 : Effectifs de classes d'images dans l'ensemble de validation (validation set)

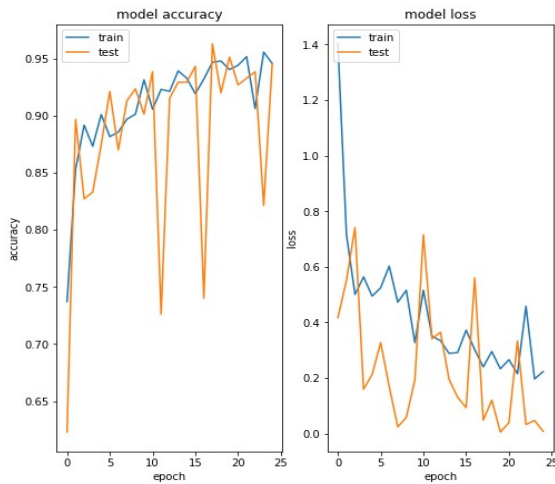


Figure 5 : Courbes de précision et de perte pour le modèle VGG16

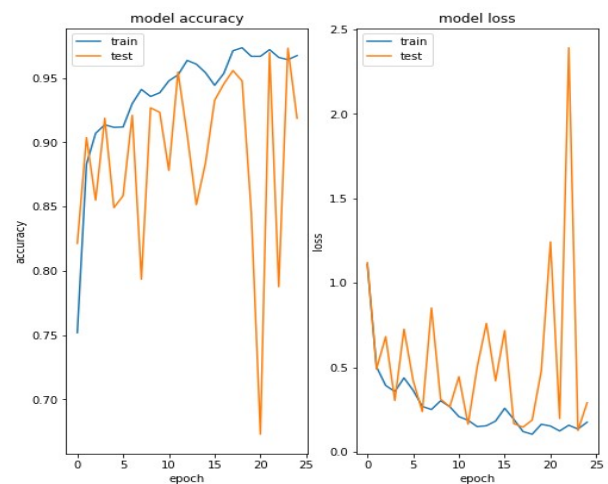


Figure 6 : Courbes de précision et de perte pour le modèle DenseNet121

block1_pool (MaxPooling2D)	(None, 32, 32, 64)	0
block2_conv1 (Conv2D)	(None, 32, 32, 128)	73856
block2_conv2 (Conv2D)	(None, 32, 32, 128)	147584
block2_pool (MaxPooling2D)	(None, 16, 16, 128)	0
block3_conv1 (Conv2D)	(None, 16, 16, 256)	295168
block3_conv2 (Conv2D)	(None, 16, 16, 256)	590880
block3_conv3 (Conv2D)	(None, 16, 16, 256)	590880
block3_pool (MaxPooling2D)	(None, 8, 8, 256)	0
block4_conv1 (Conv2D)	(None, 8, 8, 512)	1180160
block4_conv2 (Conv2D)	(None, 8, 8, 512)	2359808
block4_conv3 (Conv2D)	(None, 8, 8, 512)	2359808
block4_pool (MaxPooling2D)	(None, 4, 4, 512)	0
block5_conv1 (Conv2D)	(None, 4, 4, 512)	2359808
block5_conv2 (Conv2D)	(None, 4, 4, 512)	2359808
block5_conv3 (Conv2D)	(None, 4, 4, 512)	2359808
block5_pool (MaxPooling2D)	(None, 2, 2, 512)	0
flatten_2 (Flatten)	(None, 2048)	0
dense_3 (Dense)	(None, 1024)	2098176
dense_4 (Dense)	(None, 3)	3075
Total params: 16,815,939		
Trainable params: 16,815,939		
Non-trainable params: 0		

Figure 7 : VGG16 model summary



AIMS

African Institute for
Mathematical Sciences
SENEGAL



LABORATOIRE D'INFORMATIQUE MODÉLISATION DES SYSTÈMES ET AIDE À LA DÉCISION

```
conv5_block16_1_relu (Activation) (None, 2, 2, 128) 0 conv5_block16_1_bn
[0][0]
-----
conv5_block16_2_conv (Conv2D) (None, 2, 2, 32) 36864 conv5_block16_1_relu
[0][0]
-----
conv5_block16_concat (Concatenation) (None, 2, 2, 1024) 0 conv5_block15_concat
[0][0] conv5_block16_2_conv
[0][0]
-----
bn (Batch Normalization) (None, 2, 2, 1024) 4096 conv5_block16_concat
[0][0]
-----
relu (Activation) (None, 2, 2, 1024) 0 bn[0][0]
-----
avg_pool (GlobalAveragePooling2) (None, 1024) 0 relu[0][0]
-----
dense_4 (Dense) (None, 1024) 1049600 avg_pool[0][0]
-----
dense_5 (Dense) (None, 3) 3075 dense_4[0][0]
=====
Total params: 8,090,179
Trainable params: 8,006,531
Non-trainable params: 83,648
-----
None
```

Figure 8 : DenseNet121 model summary

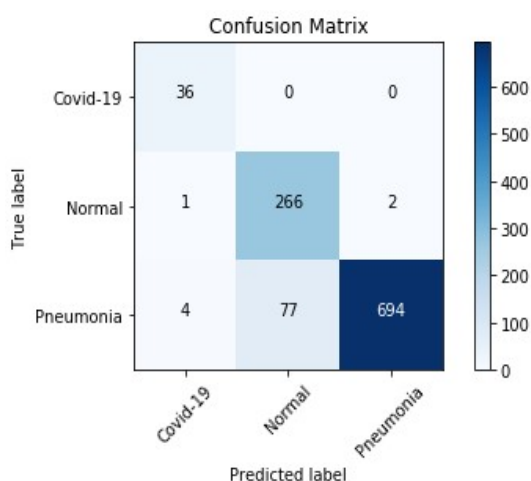


Figure 9 : Matrice de confusion pour le modèle DenseNet121

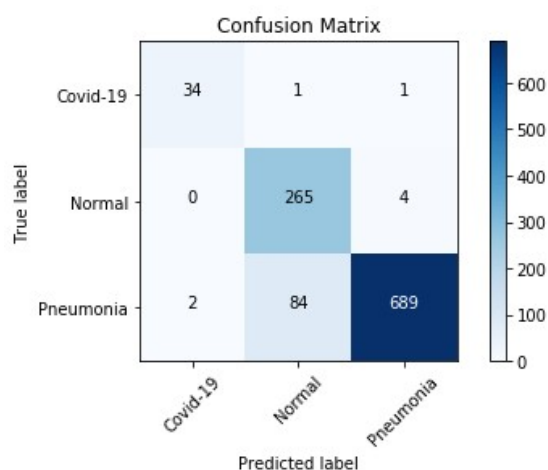


Figure 10 : Matrice de confusion pour le modèle VGG16

II - Introduction générale :

Créée nouvellement en 2014, l'Université Hassan II de Casablanca (UH2C) est le fruit de la fusion de l'Université Hassan II de Aïn Chok et l'Université Hassan II de Mohammedia. Elle compte en son sein dix-sept (17) établissements repartis entre autre en écoles et facultés. Parmi ces établissements, on peut citer la Faculté des Sciences de Aïn Chok (FSAC), la Faculté des Lettres et des Sciences Humaines (FSLH) de Aïn Chok, École Supérieure de Technologie de Casablanca (ESTC) pour n'en citer que ceux-là. Le LIMSAD (Laboratoire d'Informatique et Modélisation de Système d'Aide à la Décision) est un laboratoire du département de mathématique et informatique de la Faculté des Sciences de Aïn Chok, ce laboratoire est sous la direction du Professeur khalid MOUSSAID, PhD en informatique. LIMSAD travaille dans les domaines de E-learning, Biomédicale, de l'intelligence artificielle, du web sémantique bref dans tous les axes de recherche connexes aux mathématiques et informatique.

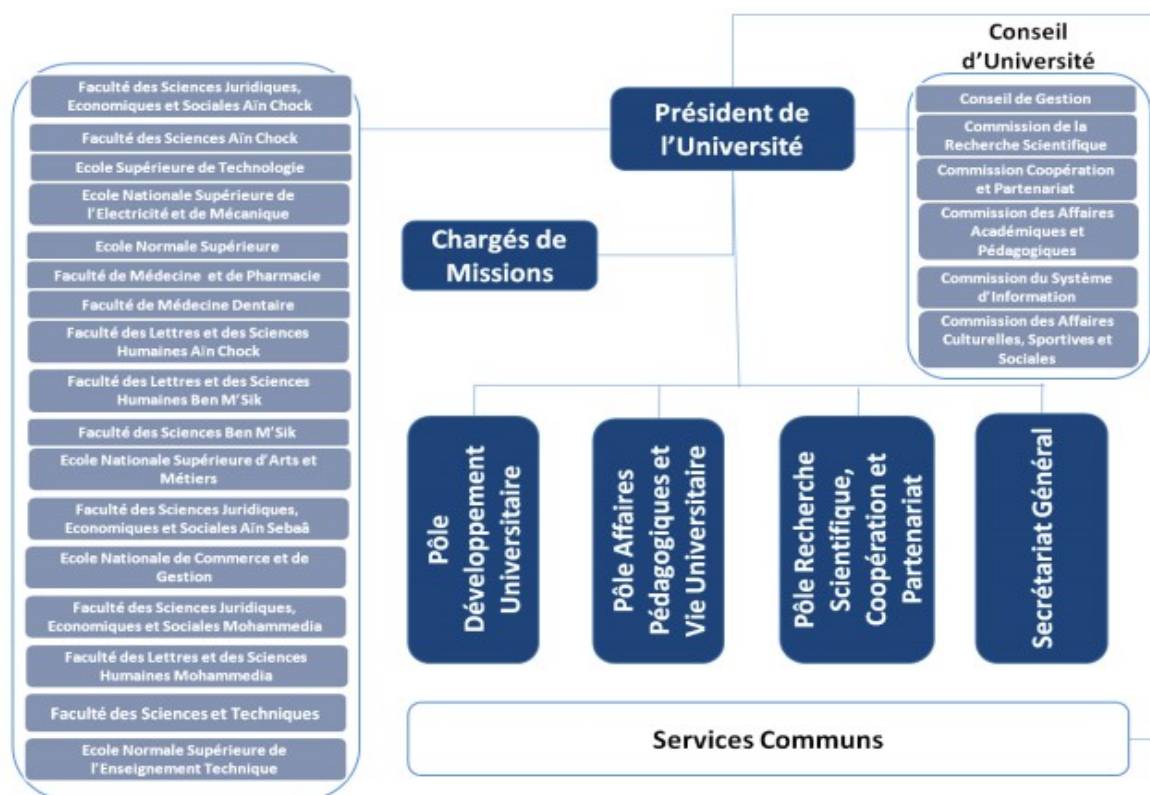


Figure 11 : Organigramme de l'UH2C

Apparue en fin 2019 à Wuhan en Chine, la pandémie de coronavirus 2019 est une infection virale causée par le virus pathogène SARS-COV-2. Cette infection virale se manifeste par plusieurs symptômes, le principal et le plus fréquent des symptômes c'est la difficulté respiratoire chez les patients infectés. Ce caractère récurrent fait de COVID-19 une pneumopathie. Cette pneumopathie peut déclencher de nouvelles pathologies telles que le syndrome de détresse respiratoire aiguë (ARDS). Le virus pathogène de COVID-19, présente certaines caractéristiques symptomatiques communes à celles du syndrome respiratoire aigu sévère (SARS) et du syndrome respiratoire du Moyen-Orient (MERS), mais les caractéristiques épidémiologiques et cliniques de ces différentes infections virales diffèrent les unes des autres [5]. Certaines caractéristiques liées à l'infection virale COVID-19 n'ont pas été entièrement comprises à ce jour. Étant donné que le virus à l'origine de la COVID-19 attaque généralement le système respiratoire des patients infectés, durant ce stage, nous nous sommes intéressés par les radiographies du thorax. Pour réduire la propagation du virus, une étape importante dans la lutte contre le COVID-19 est le dépistage continu et efficace des patients infectés. La principale lutte contre la pandémie de COVID-19 étant le dépistage continu des patients infectés en vue de leur prise en charge, plusieurs approches sont utilisées pour cela. La principale approche de dépistage est le test RT-PCR [6]. Ce test consiste à détecter l'ARN du SARS-COV-2 à partir de prélèvements nasopharyngés ou oropharyngés. Le RT-PCR dans son principe de fonctionnement permet d'obtenir un très grand nombre de copies de la séquence d'ADN ou de l'ARN sélectionné. Bien que le PCR constitue une référence en raison de sa nature sensible, le test du PCR est un processus long, laborieux, compliqué et manuel. Compte tenu de la croissance exponentielle de la contamination du coronavirus, qui est en quelque sorte une course contre la montre, il existe, à côté du PCR, une autre approche pour le dépistage de COVID-19 : l'examen radiologique ou l'imagerie radiologique du thorax (par exemple, l'imagerie par rayons X ou tomodensitométrie, CT). Cette approche complète bien l'examen du PCR, qui a dans certains cas une sensibilité plus élevée [7], et est effectuée et analysée par des radiologues pour rechercher les indicateurs visuels associés avec une infection. Elle (l'imagerie radiologique du thorax) est effectuée plus rapidement et est plus disponible en raison de l'accessibilité et de la prévalence des systèmes d'imagerie par radiographie pulmonaire dans la plupart des pays. Plusieurs études ont été menées dans ce sens, ces études ont révélé que les patients atteints de COVID-19 présentent des anomalies dans leurs images radiographiques du thorax [18, 10]. Toujours dans

la recherche des solutions efficaces dans la détection des maladies, plusieurs approches basées sur l'intelligence artificielle en général et sur le deep learning[8] en particulier ont été proposées par les scientifiques, les résultats ont été très prometteurs en termes de précision dans la détection des anomalies dans les images radiographiques pulmonaires [9, 10, 11]. Dans ce stage, nous avons utilisé les images de radiographie pulmonaire thoracique obtenues à partir de deux sources différentes : une base de données d'images de radiographie COVID-19 développée par Cohen JP à partir d'images provenant de diverses sources en libre accès "Covid chest x-ray dataset" [12], cette base de données est constamment mise à jour avec des images partagées par des chercheurs de différents continents. Et une autre base de données du concours Kaggle, contiennent les images de radiographie pulmonaire thoracique (pneumonie) [13], composée de patients normaux et de patients atteints de toutes les formes de pneumonie. La base de données Kaggle sur les radiographies thoracique (pneumonie)[13] a été fournie par Mooney. Nous avons entraîné deux modèles de Deep Learning (Deep Convolutional Neural Network) avec apprentissage par transfert (DenseNet121[4] et VGG16[3]) sur nos données. Le but de ce travail est de faire le diagnostic de COVID-19, c'est-à-dire de détecter les images présentant les anomalies liées à chaque infection. Cela permettra aux cliniciens de décider plus rapidement, plus efficacement et plus précisément si un patient est atteint ou non de COVID-19 ou de différentes autres infections. Toutefois, l'analyse et l'interprétation des anomalies dans les images nécessitent l'expertise de radiologues expérimentés, car les caractéristiques présentes dans les images peuvent être subtiles ou même difficile à trouver.

III - Méthodologie :

L'imagerie médicale regroupe les moyens d'acquisition et de restitution d'images à partir de différents phénomènes physiques (Résonance magnétique, réflexion d'ondes ultrasons, radioactivités, absorption des rayons X, ...). Cette technologie permet de visualiser la physiologie ou le métabolisme du corps humain indirectement, mais est aussi utilisée dans différents domaines tels que l'industrie, la chimie, la sécurité et l'archéologie.

L'importance que revêt l'imagerie médicale tient d'abord du fait qu'une image est un concentré d'informations bien plus efficaces qu'un texte ou qu'une explication verbale.

Suivant les techniques utilisées, l'imagerie médicale permet d'obtenir des informations sur l'anatomie des organes (leur taille, leur volume, leur localisation, la forme d'une éventuelle lésion, etc.) ou sur leur fonctionnement. Dans le premier cas on parle d'imagerie *structurelle* et dans le second d'imagerie *fonctionnelle*.

Parmi les méthodes d'imagerie structurelles les plus couramment employées en médecine, on peut citer d'une part les méthodes tomographiques basées soit sur les rayons X (radiologie conventionnelle, tomodensitométrie ou CT Scan, angiographie etc.) soit sur la résonance magnétique (IRM), les méthodes échographiques (qui utilisent les ultra-sons), et enfin les méthodes optiques (qui utilisent les rayons lumineux).

Les méthodes d'imagerie fonctionnelles sont aussi très variées. Elles regroupent les techniques de médecine nucléaire (TEP, TEMP) basés sur l'émission de rayons gamma par des traceurs radioactifs qui, après injection, se concentrent dans les régions d'intense activité métabolique, les techniques électrophysiologiques qui mesurent les modifications de l'état électrochimique des tissus (en particulier en lien avec l'activité nerveuse) ou encore les mesures thermographiques.

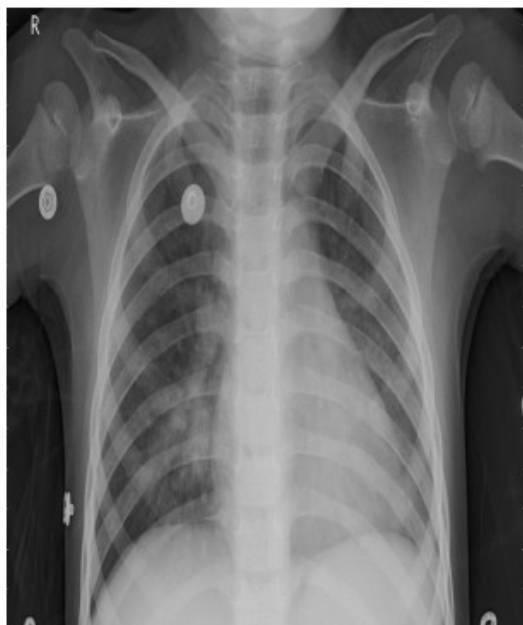
Ces différents types de techniques sont souvent employés de façon complémentaire parfois même au sein d'un même système d'imagerie qui permet alors des acquisitions multimodales, simultanées ou non.

1 - Ensembles de données :

Dans ce travail, nous avons travaillé avec les données basées sur les méthodes d'imagerie structurales notamment sur les images radiographiques pulmonaires thoraciques. Nous disposons des images réparties en trois (03) catégories ou classes à savoir : Covid-19, Pneumonie et Normal ou Sain. Autrement dit, nous avons travaillé avec des images de radiographie pulmonaire des patients atteints par le Covid-19, des patients atteints par la pneumonie (virale et bactérienne) et des patients normaux ou sains respectivement. Ces images proviennent de deux différentes bases de données à savoir "COVID chest x-ray [12] et "Kaggle chest x-ray images (pneumonia)" [13].

Kaggle chest x-ray images (pneumonia) :

Cette base de données contient des images radiographiques de patients répartis en deux catégories ou classes : Normal et Pneumonie (Virale et Bactérienne), avec un nombre total de 5 863 images.



(a) Pneumonie virale



(b) Pneumonie bactérienne

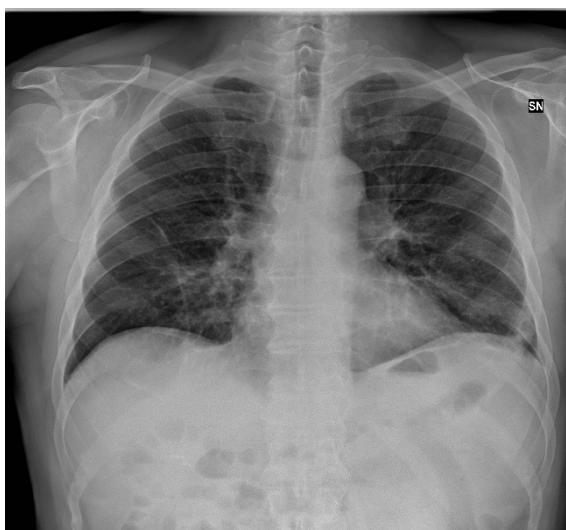


c) Patient normal

Figure 12 : Images provenant de la base des données Kaggle chest x-ray images (pneumonia)

COVID chest x-ray images :

Cette base de données contient les images radiographiques des différentes infections : covid-19, MERS, SRAS, ARDS etc. Comme le Covid-19 est une pneumopathie (infection affectant les poumons et plus largement le système respiratoire), nous n'avons extrait que les images CT de l'infection virale Covid-19 correspondant aux vues postérieures (PA).



d) Covid-19

Figure 13 : Image provenant de la base des données COVID chest x-ray images

L'image CT d'un patient Covi-19 (d) montre un mélange de verre écrasé et de consolidation à la périphérie des poumons, sans épanchement pleural. Cet échantillon de caractéristiques sur l'image CT d'un patient atteint de Covid-19 diffère de celui des patients atteints de pneumonie et des patients normaux ou sains.

Il faut noter que la détection des caractéristiques (anomalies) dans l'image peut s'avérer très subtils et nécessite l'apport des radiologues chevronnés. D'où l'objectif de ce travail qui permettra aux cliniciens une prise de décision efficace dans le diagnostic des infections en général, celle du Covid-19 en particulier.

Pour les images Covid-19 correspondant aux vues postérieures (PA) extraites dans la base des données COVID chest x-ray images, nous avons créé deux sous-dossiers nommés Covid-19 contenant chacun 80% des images CT Covid-19 pour l'entraînement et 20% pour l'évaluation.

Pour notre étude, nous avons créé une base des données finale qui est la jonction des images CT des deux bases des données susmentionnées. Cette nouvelle base des données contient deux dossiers (train et test). Pour la validation, nous avons utilisé ImageDataGenerator [14] de Keras, 20% des données d'entraînement ont été servies pour la validation du modèle. Notre ensemble final ainsi que les effectifs de chaque classe des données sont représentés par les figures 1, 2, 3 et 4 ci-dessus.

En analysant ces figures, nous remarquons un effectif très négligeable des images des patients atteints du Covid-19. Lorsque nous faisons cette étude, nous n'avons pu extraire qu'un nombre total de 180 images CT Covid-19 correspondant aux vues postérieures (PA) dans la base de données COVID chest x-ray. Ces images sont réparties comme suit : 116 images CT dans 'train set', 36 images CT dans 'test set' et 28 images CT dans 'validation set'. La répartition des classes d'images dans l'ensemble de données final est la suivante : 858 images CT 'Normal' et 2 480 images CT 'Pneumonie' dans 'train set' (voir figure 2), 269 images CT 'Normal' et 775 images CT 'Pneumonie' dans 'test set' (voir figure 3) puis 214 images CT 'Normal' et 620 images CT 'Pneumonie' dans 'validation set' (voir figure 4).

2 - Résolution des classes des données déséquilibrées :

L'apprentissage profond n'est pertinent que lorsque vous disposez d'une énorme quantité de données. Il est certain que l'apprentissage approfondi nécessite la capacité d'apprendre automatiquement des caractéristiques à partir des données, ce qui n'est généralement possible que lorsque de nombreuses données d'apprentissage sont disponibles - en particulier pour les problèmes où les échantillons d'entrée sont en très haute dimension, comme les images. Dans ce travail, nous étions confrontés à un problème de données déséquilibrées en raison du manque important d'images de COVID-19. En effet, il existe plusieurs techniques pour gérer le problème des classes déséquilibrées. Dans cette étude, nous avons utilisé la méthode d'augmentation des données d'image de Keras illustrée dans la figure 14 ci-dessous :

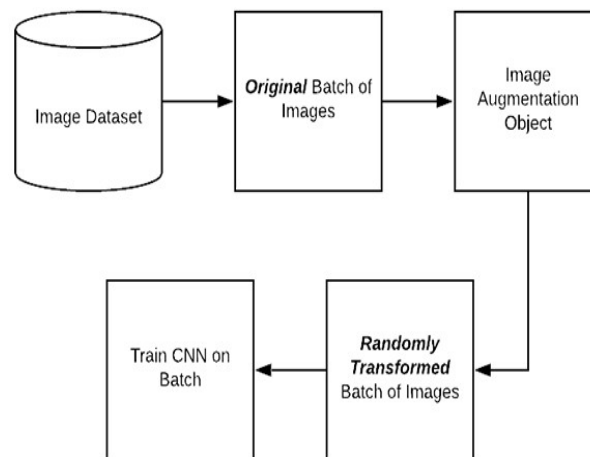


Figure 14 : Méthode d'augmentation des données avec Keras

3 - Modèles utilisés pour entraîner les données :

i - Apprentissage par transfert :

L'apprentissage par transfert est le concept d'apprentissage approfondi dans lequel nous prenons un modèle existant qui est formé sur beaucoup plus de données et utilisons les caractéristiques que le modèle a apprises à partir de ces données et l'utilisons pour notre problème. Depuis, ce modèle a appris à partir de beaucoup de données, de sorte qu'il a été assez bien formé pour trouver

certaines caractéristiques. Nous pouvons utiliser ces caractéristiques et, en modifiant une partie du modèle formé, l'utiliser pour notre cas d'utilisation. Dans l'apprentissage par transfert, au lieu de former toutes les couches du modèle, nous verrouillons certaines des couches et utilisons les poids formés dans les couches verrouillées pour extraire des caractéristiques particulières de nos données. Nous n'avons pas besoin de verrouiller toutes les couches que nous pouvons choisir pour former à nouveau certaines des couches inférieures car ces dernières seront spécialisées pour nos données.

Dans cette étude, nous avons utilisé deux architectures de deep learning avec apprentissage par transfert, à savoir : DenseNet121 [4] et VGG16 [3].

ii - L'architecture DenseNet :

L'architecture DenseNet est nouvelle, elle est une extension logique de ResNet.

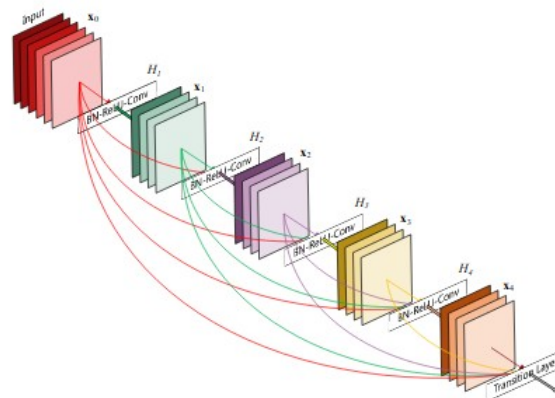


Figure 15 : La structure de DenseNet

Cependant, ResNet possède un élément de base (Identité) où vous fusionnez (additif) une couche précédente dans une couche future. Le raisonnement est le suivant : en ajoutant des fusions additives, nous forçons le réseau à apprendre les résidus (erreurs, c'est-à-dire les différences entre une couche précédente et une couche actuelle). En revanche, l'architecture DenseNet quand elle, propose de concaténer les sorties des couches précédentes au lieu d'utiliser la sommation.

La spécificité de cette est l'utilisation de la concaténation [15], c'est-à-dire chaque couche reçoit des données supplémentaires de toutes les couches précédentes et transmet ses propres cartes de caractéristiques à toutes les

couches suivantes (voir figure 13). DenseNet121 est un modèle préformé sur le jeu de données ImageNet qui est une base des données de 14 millions d'images réparties sur 1.000 classes.

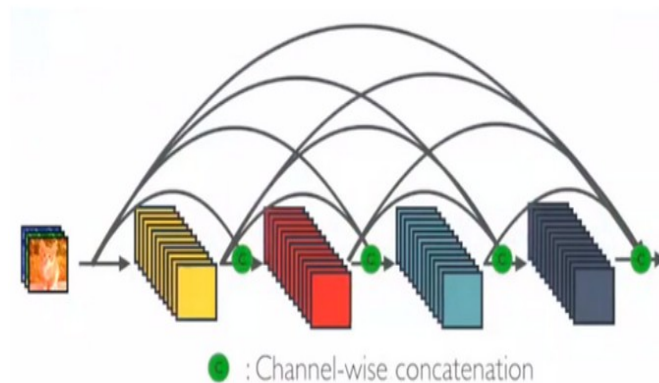


Figure 16 : Principe de concaténation du DenseNet

Des études ont montré que les réseaux de convolutions peuvent être sensiblement plus profonds, plus précis et plus efficaces à former s'ils contiennent des connexions plus courtes entre les couches proches de l'entrée et celles proches de la sortie.

Les architectures DenseNet en général présentent plusieurs avantages incontestables qu'on peut entre autres citer :

- * Elles atténuent le problème du gradient de disparition,
- * Elles renforcent la propagation des caractéristiques,
- * Elles encouragent la réutilisation des caractéristiques et
- * Elles réduisent considérablement le nombre de paramètres.

L'effet contre-intuitif de la connectivité dense est qu'il nécessite moins de paramètres que les réseaux de convolutions traditionnels, car il n'est pas nécessaire de réapprendre des cartes de caractéristiques redondantes. Les architectures traditionnelles de feed-forward peuvent être considérées comme des algorithmes dont l'état est transmis d'une couche à l'autre. Chaque couche lit l'état de sa couche précédente et écrit dans la couche suivante. Elle modifie l'état mais transmet également les informations qui doivent être préservées. Par contre, l'architecture DenseNet fait une distinction explicite entre les informations qui sont ajoutées au réseau et celles qui sont préservées. Les couches DenseNet sont très étroites (par exemple, 12 cartes de caractéristiques par couche), n'ajoutant qu'un petit ensemble de cartes de caractéristiques au

"savoir collectif" du réseau et ne modifiant pas les autres cartes de caractéristiques et le classificateur final prend une décision basée sur toutes les cartes de caractéristiques du réseau.

Outre une meilleure efficacité des paramètres, l'un des grands avantages des architectures DenseNet est l'amélioration du flux d'informations et des gradients sur l'ensemble du réseau, ce qui les rend faciles à former. Chaque couche a un accès direct aux gradients à partir de la fonction de perte et du signal d'entrée original, ce qui conduit à une supervision profonde implicite. Cela facilite la formation d'architectures de réseau plus profondes. En outre, nous observons également que les connexions denses ont un effet de régularisation, ce qui réduit le sur-apprentissage aux tâches avec des ensembles de formation plus petits tel est le cas dans cette étude.

La concaténation (voir figure 14) des cartes de caractéristiques apprises par différentes couches augmente la variation de l'entrée des couches suivantes et améliore l'efficacité. Contrairement à d'autres architectures qui concatènent également des caractéristiques de différentes couches, les architectures DenseNet sont plus simples et plus efficaces.

- Processus du DenseNet (illustration) :

Considérons une seule image x_0 qui passe à travers un réseau convolutif. considérons L comme le nombre de couches du réseau, chacune d'elles mettant en œuvre une transformation non linéaire $H_l(\cdot)$, cette transformation peut être une fonction composite constituée des couches : pooling layer[17], Batch Normalization (BN)[16] de la couche d'activation non linéaire ReLU [18] et de la couche de convolution 3×3 (Conv). Toutes ces connexions signifient que le réseau dispose de connexions directes $L(L + 1)/2$, dont la sortie de la l -ième couche est référencée comme x_l .

- Connectivité :

La figure 12 illustre la structure du DenseNet. Selon le principe de concaténation, la l -ième couche recevra en entrée les cartes de caractéristiques de toutes les autres couches x_0, x_1, \dots, x_{l-1} précédentes, en utilisant une opération de fonction composite $H_l(\cdot)$ telle que :

$$x_l = H_l([x_0, x_1, \dots, x_{l-1}]) \quad (1)$$

Où $[x_0, x_1, \dots, x_o]$ désigne la concaténation des cartes de caractéristiques produites dans les couches 0, 1, ..., l-1.

L'architecture DenseNet dispose en elle, des différentes versions telles que : DenseNet121, DenseNet160, DenseNet201, etc. Dans notre étude, nous avons utilisé l'architecture DenseNet121 pour la formation ou l'entraînement de nos données. Le nombre 121 indique le nombre total de couches dans le réseau neuronal et se calcule comme suit :

$$\text{DenseNet121} : 5 + (6 + 12 + 24 + 16) * 2 = 121$$

5 couches de convolution et de mise en commun,

3 couches de transition (6, 12, 24),

1 couche de classification (16),

2 couches denseBlock (1×1 et 3×3 Conv).

iii - L'architecture VGGNet :

VGGNet est une architecture de réseau neuronal convolutif créé à l'université d'Oxford par Visual Geometry Group (VGG) d'où le nom de son acronyme. Plusieurs modèles de classifications d'images sont proposés en utilisant cette architecture, grâce aux performances qu'elle fait preuve. Connue par ses deux puissantes architectures VGG16 et VGG19, les nombres 16 et 19 n'indiquent autre que le nombre de couches convolutives formées par le réseau neuronal de ces architectures respectivement, c'est à dire le nombre de couches qui ont des poids. Dans notre étude, nous avons utilisé une des architectures de réseau neuronal convolutif uniforme, à savoir : VGG16 [3]. Elle est considérée comme l'une des excellentes architectures de modèles de classification d'images à ce jour. La particularité du VGG16 est qu'au lieu d'avoir un grand nombre d'hyperparamètres, il s'est concentré sur des couches de convolution de 3×3 filtres avec une foulée 1 et a toujours utilisé le même rembourrage et la même couche de maxpool de 2×2 filtres de la foulée 2. Il suit cet arrangement de couches de convolution et de max pool de manière cohérente dans toute l'architecture. En fin de compte, il a deux couches entièrement connectées (Full Connected, FC en anglais) suivies de la fonction d'activation softmax pour la sortie. Ce réseau est assez vaste et il compte environ 138 millions (environ) de paramètres.

Le choix de ce modèle est motivé d'une part par sa composition interne du réseau neuronal, car il comporte des couches dont les paramètres peuvent être formés et d'autres couches non. D'autre part, par les performances que ce modèle a montrées au cours du concours de reconnaissance visuelle ILSVRC-2014[19]. Notons que ce modèle a été le premier à remporter ce concours. La figure 15 montre la structure du réseau VGG16 et ses différentes couches.

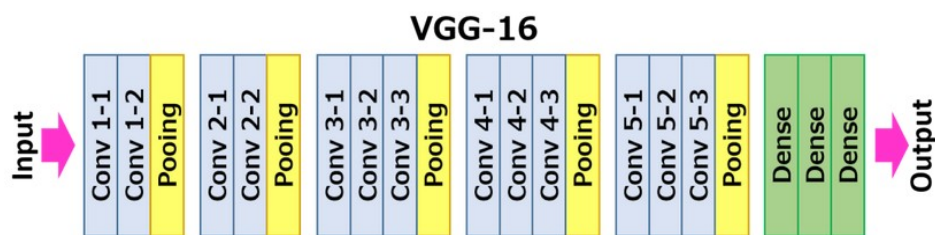


Figure 17 : Architecture du réseau VGG16

Comme pour le modèle DenseNet121, le modèle VGG16 a également été préformé sur l'ensemble de données ImageNet. Dans son principe de fonctionnement, chaque paramètre est mis à jour dans chacune des couches tout au long de sa formation afin d'assurer une meilleure précision du modèle.

Enfin, pour les deux modèles nous avons introduit une couche contenant 1024 entrées entièrement connectées à ReLu comme fonction d'activation, sauf pour la dernière couche à laquelle nous avons attribué la fonction d'activation softmax (multi-classes) afin qu'elle reconnaisse nos différentes classes ou catégories à partir de zéro. Les figures 7 et 8 nous renseignent davantage sur la composition interne de nos différents modèles.

- Fonction d'activation :

La fonction d'activation est une fonction mathématique qui permet de traiter l'information qui arrive à un neurone artificiel en machine learning. Elle a pour rôle d'appliquer une transformation mathématiques aux informations qui arrivent aux neurones.

Le processus d'implémentation d'un réseau de neurones nécessitent la construction de plusieurs fonctions dont chacune effectue une tâche bien spécifique. Dans la construction d'un réseau de neurone, une attention particulière est apportée sur l'écriture mathématique des fonctions en lien avec l'apprentissage du réseau : le calcul des gradients (Back-Propagation), l'algorithme d'optimisation (Descente de gradient ou autres) et l'initialisation des poids des connexions entre les neurones.

Dans le cerveau humain, les dendrites ont pour fonction de recevoir et de conduire l'influx nerveux (signal) provenant d'autres cellules nerveuses, vers le corps cellulaire du neurone. S'il est excité, il enverra alors un influx nerveux par le biais de l'axone, vers un autre neurone, vers un muscle ou un autre type tissulaire.

De la même manière que le neurone du cerveau va décider de l'amplitude du signal électrique qui sera envoyée à un autre, de la même manière le neurone artificiel va décider de l'amplitude de la valeur qui sera renvoyée aux neurones de la couche juxtaposée. Enfin, une fonction d'activation sert à mimer la manière dont les neurones du cerveau humain traitent les signaux électriques qu'ils reçoivent. En termes mathématiques, on peut l'appeler une fonction de transfert qui transforme une entrée par une sortie à travers une fonction.

Dans le domaine des réseaux de neurones, il existe plusieurs fonctions d'activation qui sont réparties en deux groupes : les fonctions d'activation linéaire et les fonction d'activation non linéaire. Parmi lesquelles nous pouvons entre autre citer : ReLu, Sigmoid, Softmax, Leaky ReLU, PReLU (Parametric ReLU) etc.

Il sied de noter que chacune de ces fonctions sont spécifiques et sont adaptées selon le type de problème.

IV - Résultats :

Notre étude a donné en général des performances (précision, coût, sensibilité, l'algorithme utilisé, etc) assez remarquables. Les performances de formation et de validation du modèle DenseNet121 sont d'environ 96% et 93% chacune (voir figure 6). Pour le VGG16, les performances de formation et de validation sont légèrement supérieures à celles de DenseNet121, environ 97% pour la formation et 94% pour la validation (voir figure 5). L'évaluation sur la complexité du modèle est assez bonne compte tenu des valeurs de la fonction de perte : 0,128 sur la formation et 0,197 sur la validation pour le modèle DenseNet121; et 0,252 sur la formation et 0,01 sur la validation pour le modèle VGG16. Tout ceci est représenté dans les figures (5 et 6). Notons que tous ces modèles ont été entraînés sur 25 époques avec un taux d'apprentissage de 0,0001. La précision globale des modèles utilisées dans notre étude est de 92,22% avec une perte de 0,283 pour le modèle DenseNet121 (voir figure 6) et de 91,48% avec une perte de 0,019 pour le modèle VGG16 (voir figure 5).

Cependant, un nombre élevé d'époques pourrait considérablement augmenter toutes ces performances. Nos modèles contiennent à la sortie trois classes ou catégories : Covid-19, Pneumonie (virale et bactérienne) et Normal ou Sain. Le modèle DenseNet121 classe parfaitement tous les cas d'infection Covid-19 avec une sensibilité de 100% ; et le modèle VGG16 classe la quasi-totalité des images de cas de Covid-19 avec une sensibilité allant jusqu'à 94%. La matrice de confusion de nos modèles (voir figures 9 - 10) montre une bonne prédiction sur la détection des images des patients affectés par Covid-19. En analysant la figure 9, nous pouvons voir que la sensibilité pour la détection des cas Covid-19 a atteint 100%. Tous les cas Covid-19 sont bien détectés et classés. Notre modèle DenseNet121 donne une très grande précision pour les patients atteints de pneumonie, alors que dans la détection des cas de pneumonie, de nombreux cas sont faux négatifs. Pour les patients normaux ou en bonne santé, la précision est la plus faible par rapport aux autres infections, mais un nombre plus élevé d'images CT normales ont été détectées positivement. L'analyse de la figure 10 montre que presque tous les cas de COVID-19 sont détectés et classés avec une sensibilité de 94,44%. Notre modèle VGG16 donne également une très grande précision pour les patients atteints de pneumonie. Pour les patients normaux ou en bonne santé, la précision est plus faible que pour les autres infections, mais un nombre plus élevé d'images CT normales ont été détectées positivement comme dans le modèle DenseNet121. Cependant, avec plus de

données Covid-19 et des classes équilibrées, nos modèles pourraient probablement donner une meilleure performance sur l'infection la détection et le diagnostic.

Cependant, avec plus de données liées au Covid-19 et des classes équilibrées, nos modèles pourraient probablement donner une meilleure performance sur la détection et le diagnostic sur ces différentes infections.

V - Conclusion et Perspectives :

Enfin, la pandémie du Coronavirus 2019 (Covid-19) a causé jusqu'à présent des centaines de milliers de décès et de contaminations dans le monde. Cette pandémie apporte avec elle de nombreuses crises : économiques, financières etc. Ainsi, apporter les solutions tant dans le domaine médical que dans celui de l'intelligence artificielle peut permettre non seulement de diagnostiquer cette pandémie, permettra aussi de résoudre les maux qu'apportent cette dernière. Dans la perspective de contribuer à une prise de décision efficace des cliniciens sur la détection des cas d'infections Covid-19 et compte tenu des études réalisées par nos prédécesseurs autour de cette infection virale, nous avons présenté dans cette étude « Détection du Covid-19 à partir de la classification d'images de pneumonie en utilisant le Deep Learning. » Deux modèles (DenseNet121 et VGG16) de Deep Learning avec apprentissage par transfert ont été utilisés dans cette étude, pour la détection des infections suivantes : Pneumonie (virale et bactérienne), Covid-19 et Normal ou Sain. En général, ces modèles détectent parfaitement les images des cas de patients atteints par Covid-19, avec des performances très satisfaisantes. L'avantage cette approche réside dans la rapidité des résultats, la précision, la faisabilité et le coût. Cependant, il existe plusieurs perspectives pour l'amélioration de ces travaux. Il s'agit notamment la nécessité de classes de données équilibrées. Étant donné que Covid-19 est une infection virale, nous visons à former un modèle avec des images radiographiques pulmonaires de patients normaux ou sains, de patients atteints de pneumonie bactérienne et de patients atteints de Covid-19 ; en d'autres termes, nous envisageons exclure de nos données les images des patients atteints d'une pneumonie virale, car en ce qui concerne les caractéristiques cliniques, les images de ces patients peuvent probablement être confondues avec celles des patients atteints de Covid-19.

VI - Bibliographie :

- [1] Ng, al., 2020. Imaging profile of the covid-19 infection: radiologic findings and literature review. *Radiology: Cardiothoracic Imaging* 2, preprint *Radiology*:e200034.
- [2] Huang, al., 2020. Clinical features of patients infected with 2019 novel coronavirus in wuhan, china. *The lancet* 395, 497–506.
- [3] Simonyan, K., Zisserman, A., 2015. Very deep convolutional networks for large-scale image recognition. *arXiv* 6, preprint *arXiv*:1409.1556.
- [4] Huang, G., al., 2016. Densely connected convolutional networks, preprint *arXiv*: 1608.06993.
- [5] Petrosillo, al., 2020. Covid-19, sars and mers: are they closely related? *Clinical Microbiology and Infection* 26, 729–734.
- [6] Wang, al., 2020. Detection of sars-cov-2 in different types of clinical specimens. *JAMA Network* 323.18, 1843–1844.
- [7] Fang, Y., al., 2020. Sensitivity of chest ct for covid-19: comparison to rt-pcr. *Radiology* 296, 115–117.
- [8] LeCun, Y., al., 2015. Deep learning. *Nature* 521, 436–444.
- [9] Linda, W., Alexander, W., 2020. Covid-net: A tailored deep convolutional neural network design for detection of covid-19 cases from chest x-ray images. *arXiv* 4, preprint *arXiv*:2003.09871.
- [10] Ozturk, T., al., 2020. Automated detection of covid-19 cases using deep neural networks with x-ray images. *ELSEVIER* 121.
- [11] Hammoudi, K., al., 2020. Deep learning on chest x-ray images to detect and evaluate pneumonia cases at the era of covid-19. *ArXiv* 1, preprint *arXiv*:2004.03399.
- [12] Cohen, 2020. Covid chest x-ray dataset. *GitHub* .
- [13] Mooney, 2018. Chest x-ray images (pneumonia) dataset. *Kaggle* competition.

- [14] Rosebrock, A., 2019. Keras imagedatagenerator and data augmentation - pyimagesearch , <https://www.pyimagesearch.com/2019/07/08/keras--imagedatagenerator--and--data--augmentation/> .
- [15] Tsang, S.H., 2019. Review: Densenet-dense convolutional network (image classification). Towardsdatascience, <https://towardsdatascience.com/review--densenetimage--classification--b6631a8ef803> .
- [16] Ioffe, S., Szegedy, C., 2015. Batch normalization: accelerating deep network training by reducing internal covariate shift. arXiv 3, preprint arXiv: 1502.03167.
- [17] LeCun, al., 1998. Gradient-based learning applied to document recognition. Proceedings of the IEEE 86, 2278–2324.
- [18] Glorot, X., al., 2011. Deep sparse rectifier neural networks.
- [19] Russakovsky, al., 2014. Imagenet large scale visual recognition challenge. International Journal of Computer Vision 115. doi: 10.1007/s11263-015-0816-y.

Année Universitaire 2020/2021

Master Recherche en BIG DATA

Nom & prénom : KIBINDA-MOUKENGUE Mikhaël Presley

Titre du sujet : Détection du Covid-19 à partir de la classification d'images de pneumonie en utilisant le Deep Learning

Secteur d'activité : Imagerie médicale (Covid-19)

Outils et langages techniques : Python et Machine Learning

Mots clés : chest X-ray imaging, clinicians' decision making, Transfer learning, accuracy.

Résumé

Face à cette pandémie de COVID-19 qui fait rage dans le monde entier, de nombreux scientifiques, tant dans le domaine médical que dans celui de l'intelligence artificielle, notamment dans le domaine de l'apprentissage machine, tentent de trouver des solutions efficaces qui permettront d'arrêter la propagation de cette pandémie. En attendant une solution efficace, l'étape essentielle dans la lutte contre la pandémie de coronavirus est le dépistage continu des patients infectés. En effet, il existe plusieurs approches pour le dépistage de la COVID-19. Dans cet article, nous nous intéressons à l'une de ces techniques de dépistage, à savoir : l'imagerie radiologique du thorax. Cependant, il ressort des travaux réalisés séparément par les auteurs Ng et al. [1] et Huang et al. [2] que, il y a présence d'anomalies dans les images radiographiques des patients atteints d'une infection virale COVID-19. La détection de ces anomalies représente un grand défi pour la prise de décision des cliniciens. L'objectif de ce stage est la détection des images présentant des anomalies en utilisant l'apprentissage profond, c'est-à-dire la détection des cas de patients atteints par COVID-19 à partir d'images de radiographie pulmonaire. Deux modèles de Deep Learning avec apprentissage par transfert (VGG16 [3] et DenseNet121[4]) ont été utilisés pour diagnostiquer les cas d'infections liées à la COVID-19 et les résultats ont été prometteurs en terme de performance : précision, coût, sensibilité, l'algorithme utilisé, etc. dans la détection des images des patients COVID-19.

In the face of this COVID-19 pandemic that is raging around the world, many scientists, both in the medical and artificial intelligence fields, particularly in the field of machine learning, are trying to find effective solutions that will make it possible to stop the spread of this pandemic. Until an effective solution is found, the essential step in the fight against the coronavirus pandemic is the continuous screening of infected patients. Indeed, there are several approaches to screening for COVID-19. In this work, we focus on one of these screening techniques, namely: chest X-ray imaging. However, the work carried out separately by the authors Ng and al. [1] and Huang and al. [2] show that there are abnormalities in the radiographic images of patients with COVID-19 viral infection. The detection of these abnormalities represents a great challenge for clinicians' decision making. The objective of this course is the detection of images with abnormalities using deep learning, i.e. the detection of COVID-19 cases from chest radiography images. Two models of Deep Learning with transfer learning (VGG16 [3] and DenseNet121 [4]) were used to diagnose cases of COVID-19 related infections and the results were promising in terms of performance: accuracy, cost, sensitivity, the algorithm used, etc. in the detection of images of COVID-19 patients.