



RÉPUBLIQUE ALGÉRIENNE DÉMOCRATIQUE ET POPULAIRE
MINISTÈRE DE L'ENSEIGNEMENT SUPÉRIEUR ET DE LA RECHERCHE SCIENTIFIQUE
UNIVERSITÉ DES SCIENCES ET DE LA TECHNOLOGIE HOUARI BOUMEDIENE

Faculté d'informatique
DÉPARTEMENT D'INTELLIGENCE ARTIFICIELLE ET SCIENCES DES DONNÉES

Mémoire de Master

Spécialité : Informatique visuelle

THÈME

**Classification des nodules pulmonaires
suspects basée sur les approches de l'IA**

ENCADRÉ PAR :
Mme. DAHMANI Djamilia

SOUTENU LE : **02/07/2023**

PRÉSENTÉ PAR :
Mr.KOULAL Yidhir Aghiles
Mr.LABCHRI Amayas

DEVANT LE JURY COMPOSÉ DE :

-**Mme. BENBAZIZ Zakia** PRÉSIDENTE
-**Mme. OURAHMOUNE Amel** EXAMINATRICE

Projet N° **MIV_02**
Année universitaire : **2022/2023**

Résumé

Notre travail se concentre sur la classification des nodules pulmonaires en utilisant les techniques de l'intelligence artificielle, afin d'améliorer la précision et l'efficacité du diagnostic en fournissant une analyse automatisée basée sur des modèles sophistiqués, ce qui peut contribuer à une détection précoce des pathologies pulmonaires et à une meilleure prise en charge des patients.

Le processus débute par l'utilisation de scans CT 3D des nodules préalablement segmentés. Ensuite, nous extrayons trois images 2D de ce bloc 3D en fonction des trois vues (x, y et z). Notre approche repose sur les réseaux à capsules développés par G. Hinton, ce qui implique la création de trois modèles distincts, chacun correspondant à une vue spécifique.

Pour parvenir à la classification finale, nous avons employé trois méthodes basiques en cas de désaccord entre les trois modèles : la classification stricte, la classification par majorité et la classification par seuillage. De plus, nous avons appliqué la théorie des jeux afin de déterminer la catégorie du nodule (bénin ou malin) en cas de désaccord.

mots clés : Intelligence artificielle ; Imagerie médicale ; Réseau à capsules ; Classification des nodules ; Apprentissage en profondeur.

Abstract

Our research focuses on the classification of pulmonary nodules using artificial intelligence techniques to enhance diagnostic accuracy and efficiency by providing automated analysis based on sophisticated models. This approach aims to facilitate early detection of lung pathologies and improve patient care.

The process begins with using pre-segmented 3D CT scans of nodules, followed by the extraction of three 2D images corresponding to the x, y, and z views. Our approach is based on G. Hinton's capsule networks, involving the creation of three distinct models, each specific to a particular view.

To achieve the final classification, we employed three basic methods in cases of disagreement among the three models : strict classification, majority classification, and threshold-based classification. Additionally, we applied game theory to determine the nodule's category (benign or malignant) in case of disagreement.

Keywords : Artificial Intelligence ; Medical Imaging ; Capsule Network ; Nodule Classification ; Deep Learning.

Remerciements

Préambule à ce mémoire nous remercions Allah qui nous aide et nous donne la patience et le courage durant nos années d'étude.

Nous tenons à exprimer nos remerciements à notre enseignante encadrante, Madame DAHMANI Djamilia, pour son soutien et ses efforts louables tout au long de ce travail.

Nous souhaitons également adresser nos sincères remerciements à tous les intervenants et personnes qui, par leurs paroles, leurs écrits, leurs conseils et leurs critiques, ont guidé nos réflexions.

Nous aimerais également exprimer notre sincère gratitude envers les enseignants de l'USTHB qui nous ont prodigué des bases solides en informatique. De plus, nous tenons à remercier chaleureusement les membres du jury pour avoir consacré leur temps précieux à la lecture attentive de notre mémoire et pour avoir partagé avec nous leurs précieuses remarques et critiques.

Dédicaces

Je tiens à dédier ce modeste travail à :

Mes chers parents, pour leur amour inconditionnel, leur soutien constant et leurs encouragements tout au long de mon parcours d'études.

Ma sœur bien-aimée Lyna, je lui dédie ce mémoire en reconnaissance de son soutien infaillible, de sa présence réconfortante et de son amour inconditionnel qui ont été ma force tout au long de ce parcours.

Ma famille, en reconnaissance de leur influence positive dans ma vie et de leur présence inestimable à chaque étape de mon parcours.

Mes amis proches, en particulier Ilies, Mohamed, Djouneid et Amine, pour leur amitié sincère, leur présence constante et leurs encouragements qui m'ont aidé à traverser les moments difficiles.

Madame DAHMANI Djamila, pour ses conseils, sa patience et sa disponibilité pour la réalisation de ce projet.

Je tiens à exprimer ma gratitude envers mon binôme, KOULAL Yidhir Aghiles, pour sa patience et les efforts qu'il a fourni tout au long de ce projet. Je suis reconnaissant pour les bons moments que nous avons partagés ensemble au cours de ces 5 années et à qui je souhaite un très grand succès.

LABCHRI Amayas

Dédicaces

Je souhaite dédier ce travail à tous ceux qui s'investissent activement dans le progrès des techniques scientifiques appliquées à la médecine, avec pour objectif d'améliorer les services médicaux et d'enrichir la vie des individus. Leur dévouement et leurs efforts constants sont une véritable source d'inspiration.

Je souhaite également dédier ce travail à mes chers parents, Hamid et Souhila, dont la contribution, le soutien et la patience indéfectibles ont été des piliers essentiels tout au long de mon parcours. Leur amour inconditionnel et leur encouragement constant m'ont permis d'aller de l'avant.

Mes soeurs, Manel et Sanaa, qui occupent une place spéciale dans mon cœur, méritent également une dédicace. Leur amour, leur soutien et leur complicité ont été une source de réconfort et de motivation tout au long de ce travail.

Pour finir, je souhaite dédier ce travail à mon binôme, Amayas Labchri, qui est un véritable frère pour moi. Depuis notre première année à l'université, nous avons partagé des moments de collaboration inestimables. Sa présence constante et son soutien indéfectible ont joué un rôle essentiel dans la réussite de ce travail.

KOULAL Yidhir Aghiles

Table des matières

1 Etat de l'art	2
1.1 Introduction	2
1.2 Anatomie pulmonaire	3
1.2.1 Description de l'anatomie et de la physiologie pulmonaires	3
1.3 Les principales pathologies pulmonaires	4
1.3.1 L'Asthme	4
1.3.2 La pneumonie	4
1.3.3 La bronchopneumopathie chronique obstructive (BPCO ou MPOC)	5
1.3.4 Le cancer des poumons	5
1 Généralités sur le cancer des poumons	6
2 Le cancer du poumon à petites cellules (SCLC)	6
3 Le cancer du poumon non à petites cellules (NSCLC)	6
1.3.5 Les nodules pulmonaires	8
1 Les types des nodules pulmonaires	8
2 Causes de cancer de poumon	9
3 Traitement et dépistage	9
1.4 Imagerie médicale	10
1.4.1 Définition	10
1.4.2 Les techniques d'imagerie médicale utilisées pour la détection de nodules pulmonaires cancéreux	10
1.5 L'Intelligence artificielle et le domaine médical	14
1.5.1 Application de l'intelligence artificielle dans le domaine de l'imagerie médicale	16
1 L'Apprentissage profond en Radiologie	16
2 Elaboration de traitement pour le cancer	16
3 Détection de cancer	17
1.5.2 Détection du cancer du poumon en utilisant l'intelligence artificielle et la vision par ordinateur	17
1.6 Travaux Pertinents	18
1.6.1 Les travaux de D. Palani et K. Venkatalakshmi. [30]	18
1.6.2 Les travaux de S.Bhatia et al. [31]	19
1.6.3 X-caps : Encoding Visual Attributes in Capsules for Explainable Medical Diagnoses. [32]	19
1.6.4 Les travaux de S.Nageswaran et al. [34]	20

TABLE DES MATIÈRES

1.6.5	Les travaux de P.Bruntha et al. [35]	21
1.6.6	Les travaux de I.Shafi et al. [36]	21
1.7	Conclusion	22
2	Outils de conception	23
2.1	Introduction	23
2.2	Extraction des caractéristiques	24
2.2.1	Les Primitives	24
2.2.2	La matrice de co-occurrence de gradients (GLGCM)	24
2.2.3	Le filtre de Gabor	26
2.3	Intelligence artificielle	28
2.3.1	Apprentissage automatique	28
2.3.2	Apprentissage profond	28
1	Les réseaux de neurones artificiels	29
2	Les réseaux de neurones convolutifs	30
2.4	Les réseaux de neurones à capsules	31
2.4.1	Historique	31
2.4.2	Intuition	31
2.4.3	Définition d'un réseau de neurones à capsules	32
2.4.4	Définition d'une capsule	32
2.4.5	Différence entre un neurone et une capsule	33
2.4.6	Architecture d'un réseau de neurones à capsules	36
2.5	Théorie des jeux	40
2.5.1	Définition	40
2.5.2	Les Composants d'un jeu	40
2.5.3	La forme d'un jeu	40
2.5.4	Equilibre de Nash	41
2.5.5	Jeu à somme nulle	41
2.6	Conclusion	42
3	Conception	43
3.1	Introduction	43
3.2	Présentation de l'approche	44
3.3	Prétraitement des images	48
1	Passage d'une image 3D vers images 2D	48
2	Redimensionnement	49
3	Filtre gaussien	50
4	Normalisation	51
5	Augmentation de données	51
3.4	Réseau neuronal à capsules	53

TABLE DES MATIÈRES

3.4.1	Architecture	53
3.4.2	Fonctions	58
3.4.3	Integration du filtre de Gabor	59
3.5	Classification des nodules	60
3.5.1	Classification en cas d'accord	60
3.5.2	Classification en cas de conflit	60
1	Classification stricte	61
2	Classification par majorité	62
3	Classification par seuillage	63
4	Classification en utilisant la théorie des jeux	64
3.6	Conclusion	69
4	Implémentation, tests et résultats	70
4.1	Introduction	70
4.2	Environnement de travail	71
4.2.1	Environnement matériel	71
4.2.2	Environnement logicielle	71
1	Python	71
2	TensorFlow	72
3	NumPy	72
4	OpenCV	73
5	NashPy	73
6	SciPy	74
7	Pillow	74
8	SQLite	74
9	PyQt	75
10	Visual Studio Code	75
4.3	Base de données	76
4.4	Présentation de l'application	76
4.4.1	Base de données	76
4.4.2	Fenêtre d'identification (Login)	78
4.4.3	Fenêtre d'inscription (sign up)	79
4.4.4	Fenêtre d'accueil (Home)	80
4.4.5	Onglet Patient	83
4.4.6	Onglet Classification des nodules	84
4.4.7	Onglet Rapport (Report)	87
4.4.8	Onglet Statistiques (Statistics)	89
4.5	Expérimentation et résultats	90
4.5.1	Expérimentation des modèles CapsNet	90
4.5.2	Expérimentation des méthodes de classification finale	92

TABLE DES MATIÈRES

1	Interprétation des résultats	92
2	Métriques	93
3	Résultats des métriques obtenus sur chaque modèle	95
4.6	Exemples de classification	96
4.6.1	Exemple 1	97
4.6.2	Exemple 2	98
4.6.3	Exemple 3	99
4.7	Conclusion	101
 A Techniques de traitement d'images		 II
A.1	Prétraitement d'images	II
A.1.1	Redimensionnement	III
A.1.2	Normalisation	VI
A.1.3	Filtrage	VII
 B Apprentissage automatique		 XIII
B.1	Le perceptron :	XIII

Table des figures

1.1	Anatomie des poumons [1]	3
1.2	Présentation typique d'un CE de siège central [12]	7
1.3	L'adénocarcinome[12]	7
1.4	Carcinome à cellules géantes[12]	8
1.5	Nodules pulmonaires [85]	8
1.6	Radiographie des poumons [86]	11
1.7	Image d'une IRM [87]	12
1.8	Dessin du faisceau en éventail CT (à gauche) et du patient dans un système d'imagerie CT [88]	13
1.9	Image CT scan d'une coupure verticale du poumon en mettant en évidence une zone anormale [88]	13
1.10	Utilisation de L'IA dans le domaine médical de 2014 à 2021 [89] . .	14
1.11	Le nombre d'articles pour l'année 2017 concernant l'utilisation de l'IA en imagerie médicale [90]	15
1.12	Réseau de neurones à capsules multitâches X-caps. [32]	20
2.1	Influence des paramètres du filtre de Gabor [91]	27
2.2	Architecture d'un CNN [92]	30
2.3	Images d'un visage humain [53]	32
2.4	Prédictions des positions des éléments d'un visage [53]	33
2.5	Différence entre une capsule et un neurone [53]	35
2.6	Architecture du CapsNet [93]	36
2.7	Exemple de la phase de mise à jour des poids [53]	38
3.1	Diagramme générale du système	45
3.2	La première phase du système	46
3.3	La seconde phase du système	47
3.4	La phase de la génération des prédictions	47
3.5	La dernière phase du système	48
3.6	Illustration du passage d'un espace 3D vers 2D	49
3.7	Redimensionnement d'une image de 64x64 pixels à une image de 32x32 pixels	50
3.8	Exemple d'application du filtre gaussien sur l'image d'un nodule pulmonaire	50
3.9	Exemple d'augmentation de données sur une image d'un nodule pulmonaire	52

TABLE DES FIGURES

3.10 Architecture du modèle NodCapsNet	53
3.11 Encodeur du modèle NodCapsNet	54
3.12 Illustration d'un vecteur, matrice et d'un tenseur [94]	54
3.13 Décodeur du modèle NodCapsNet	57
3.14 Exemple de la reconstruction d'images des nodules pulmonaires	57
3.15 Point selle [95]	67
4.1 Le Logo de Python [58]	72
4.2 Le Logo de TensorFlow [59]	72
4.3 Le Logo de Numpy [60]	73
4.4 Le Logo de OpenCV [61]	73
4.5 Le Logo de SciPy [63]	74
4.6 Le Logo de Pillow [64]	74
4.7 Le Logo de PyQt [67]	75
4.8 Le Logo de Visual Studio Code [69]	75
4.9 Exemple d'un CT-scan de DSB2017 [96]	76
4.10 Exemple d'un nodule segmenté	76
4.11 Architecture de la base de données de l'application	77
4.12 Fenêtre d'identification	78
4.13 Message d'information érronée	78
4.14 Carte de visite de l'application	79
4.15 Création d'un nouveau compte	79
4.16 Fenêtre d'accueil	80
4.17 Les éléments de la fenêtre d'accueil	81
4.18 Onglet d'aide	82
4.19 Le guide de l'application	82
4.20 La liste des patients	83
4.21 Patient introuvable	83
4.22 Ajout d'un patient	84
4.23 Patient ajouté	84
4.24 Patient sélectionné	84
4.25 Onglet de classification	85
4.26 La classification d'un nodule	85
4.27 Le menu Setting	86
4.28 La notification de fin de classification	86
4.29 Onglet rapport	87
4.30 La visualisation du nodule	87
4.31 Le rapport médical	88
4.32 Onglet des statistiques	89
4.33 Matrice de confusion	93
4.34 Matrice de confusion	93

TABLE DES FIGURES

4.35 Courbe ROC du modèle NodCapsNet	96
4.36 Le nodule numéro 33 de DSB 2017	97
4.37 Le nodule numéro 611 de DSB 2017	98
4.38 Le nodule numéro 4 de DSB 2017	99
A.1 Exemple expliquant le ratio [98]	III
A.2 Exemple de redimensionnement d'image [99]	III
A.3 Exemple d'agrandissement de facteur 3 [100]	IV
A.4 Exemple d'effet d'escalier [101]	V
A.5 Exemple d'interpolation bilinéaire [100]	V
A.6 normalisation	VI
A.7 Exemple d'égalisation d'histogramme [103]	VII
A.8 Filtre moyenneur [104]	VIII
A.9 Exemple d'application du filtre gaussien [105]	IX
A.10 Filtre médian [42]	X
A.11 Exemple des filtres morphologiques [107]	XI
B.1 Neurones artificiel [74]	XIII
B.2 Fonction RelU	XV
B.3 architecture d'un réseau de neurones. [79]	XVII
B.4 opération de convolution [80]	XVII
B.5 application du max-pooling [81]	XVIII
B.6 application du global average pooling [81]	XIX
B.7 couche totalement connectée [82]	XIX
B.8 Dropout [84]	XX

Liste des abréviations

MNT : Maladie non transmissible.

OMS : Organisation mondiale de la Santé.

SCLC : Le cancer du poumon à petites cellules.

NSCLC : Le cancer du poumon non à petites.

BPCO : La bronchopneumopathie chronique obstructive.

CNN : Convolutional Neural Network.

CapsNet : Capsule Network.

EN : Équilibre de Nash.

SE : Système d'Exploitation.

CPU : Central Processing Unit.

GPU : Graphics Processing Unit.

THJ : Théorie des jeux.

Introduction générale

Le cancer des poumons est le cancer le plus meurtrier dans le monde. En 2020, il totalise à lui seul plus de 1, 80 millions de décès bien qu'il ne soit pas le cancer le plus courant cette année-là [68]. Une des solutions envisageables pour réduire les conséquences de ce cancer est le dépistage précoce, ce qui permettrait de diagnostiquer un cancer du poumon chez un patient à un stade précoce, et offrira la possibilité aux médecins de prescrire un traitement qui pourrait sauver la vie de nombreuses personnes. Les méthodes de détection les plus couramment utilisées pour le cancer du poumon sont basées sur des techniques d'imagerie, telles que les scanners, les radiographies et la tomodensitométrie thoracique.

Dans le cadre de notre projet de fin d'étude, nous avons réalisé un système qui classifie les nodules pulmonaires en nodules bénins ou malins en utilisant la vision par ordinateur et l'intelligence artificielle. La prise de décision est réalisée par différents modèles de classification au choix que nous avons implémenté, ces fonctionnalités ont été intégré dans une application nommée " EasyNodule ". Notre projet est composé de quatre (04) chapitres :

Chapitre 1 : Ce chapitre représente une étude de l'art sur la classification des nodules pulmonaires, différentes notions fondamentales sur les pathologies pulmonaires, l'imagerie médicale, l'intelligence artificielle ainsi que les méthodes de détections et travaux réalisés sur le sujet.

Chapitre 2 : Ce chapitre englobera les différents outils que nous utiliserons lors de la réalisation de notre système de classification. Nous expliquerons les notions de l'intelligence artificielle utilisées et de la théorie des jeux.

Chapitre 3 : Dans ce chapitre, nous présenterons notre système et ses différents composants.

Chapitre 4 : Nous présenterons dans ce chapitre l'environnement de développement, la base de données utilisé pour entraîner notre modèle de Deep Learning, les résultats que nous avons obtenus et notre application.

1

Etat de l'art

1.1 Introduction

La détection des cellules cancéreuses présentes dans les poumons est un problème très complexe pour le clinicien. D'où la nécessité de développer des outils d'aide automatiques permettant la réalisation de cette tâche, donc la mise en œuvre d'un modèle de prédiction capable de prédire et de classifier les nodules pulmonaires présents au niveau des poumons. Cependant, avant d'entamer l'élaboration d'un tel modèle, il faut assimiler certaines notions élémentaires en relation avec l'anatomie et la pathologie pulmonaires.

Dans ce chapitre, nous allons présenter l'anatomie et pathologie pulmonaires. Ensuite, nous donnerons un aperçu sur l'imagerie médicale et son utilisation dans le domaine de la santé.

Enfin nous conclurons avec l'impact des nouvelles avancées en intelligence artificielle et en vision par ordinateur sur le domaine médical tout en exposant un ensemble de travaux récents réalisés pour la classification des nodules pulmonaires.

1.2 Anatomie pulmonaire

Les poumons sont les organes principaux de la respiration chez les mammifères, y compris les humains. Ils sont logés dans la cage thoracique et protégés par les côtes afin de transmettre l'oxygène dans le sang et éliminer le gaz carbonique.[1]

1.2.1 Description de l'anatomie et de la physiologie pulmonaires

L'être humain possède deux poumons divisés en lobes, trois à droite et deux à gauche. Ils sont recouverts d'une membrane appelée plèvre, qui les maintient en place dans la cage thoracique. Les bronches sont les tubes qui mènent de la trachée aux poumons, plus précisément aux alvéoles, qui sont des petits sacs d'air dans les poumons où se produit l'échange de gaz.[2]

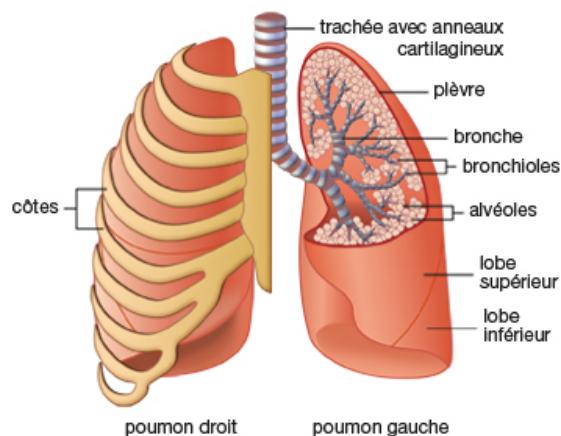


FIGURE 1.1 – Anatomie des poumons [1]

Le processus respiratoire est caractérisé par l'air entrant par le nez ou la bouche, descendant par la trachée, puis se divisant en bronches, qui elles-mêmes se divisent en bronchioles plus petites, atteignant finalement les alvéoles, où l'oxygène de l'air est supposé être transporté dans tout le corps par le sang. Ce processus est régulé par le système nerveux et le diaphragme, le muscle des poumons qui aide à respirer.

En somme, les poumons sont des organes complexes qui permettent les échanges gazeux entre l'air et le sang, en utilisant une série de structures anatomiques régulées par le système nerveux et le diaphragme pour assurer une respiration efficace et continue.

1.3 Les principales pathologies pulmonaires

Il existe de nombreuses pathologies pulmonaires qui peuvent affecter la fonction respiratoire, nous allons citer les principales et les plus propagées en Algérie.

1.3.1 L'Asthme

L'asthme est une maladie non transmissible (MNT) de première importance qui touche les enfants et les adultes. Cette maladie pulmonaire chronique affecte les voies respiratoires provoquant les symptômes suivants : toux, sifflement, essoufflement et gêne respiratoire. Ces symptômes peuvent être déclenchés par des allergènes tels que le pollen, la poussière ou les acariens, ou par des irritants tels que la fumée, les produits chimiques ou les changements de température. [3] Le traitement de l'asthme peut inclure des médicaments bronchodilatateurs, des corticostéroïdes et des antihistaminiques, ainsi que des changements de mode de vie pour éviter de déclencher l'asthme. Bien qu'il n'existe aucun remède contre l'asthme, un traitement approprié peut aider à gérer les symptômes et à améliorer la qualité de vie des personnes atteintes de la maladie.

Selon L'Organisation mondiale de la Santé (OMS), en 2019, on estime que 262 millions de personnes souffraient d'asthme et que cette maladie a entraîné 461 000 décès. En Algérie, le taux de prévalence de l'asthme est estimé à environ 4,9% de la population totale et environ 10% sont des enfants.

1.3.2 La pneumonie

La pneumonie est une maladie pulmonaire causée par une infection des voies respiratoires, généralement par des bactéries, des virus ou des champignons. Ses symptômes peuvent varier, mais comprennent souvent de la fièvre, de la toux, des douleurs thoraciques et de la difficulté à respirer.

Le traitement de la pneumonie peut inclure des antibiotiques, des antiviraux ou

des antifongiques, ainsi que des mesures pour soulager les symptômes, telles que des analgésiques ou des médicaments contre la toux.

Des mesures préventives, comme la vaccination, des pratiques d'hygiène et de sécurité appropriées, peuvent également aider à réduire le risque de contracter cette maladie.

Selon L'Organisation mondiale de la Santé (OMS), en 2021, un décès d'enfant ou de jeune a été enregistré toutes les 4,4 secondes, selon un rapport des Nations Unies. En Algérie, en 2017, la pneumonie a été à l'origine de 16% de toutes les mortalités infantiles, et était la deuxième cause de consultation médicale chez les adultes dans les hôpitaux universitaires.

1.3.3 La bronchopneumopathie chronique obstructive (BPCO ou MPOC)

La bronchopneumopathie chronique obstructive (BPCO) est une maladie pulmonaire chronique courante, qu'il est possible d'éviter et de traiter et qui touche des hommes et des femmes partout dans le monde. [4]

Après une étude réalisée par R. Khelafi et ses collègues en 2008 au Service des urgences respiratoires, centre hospitalo-universitaire de Béni Messous. On estime qu'en Algérie 780 000 personnes âgées de 40 et plus sont atteintes de BPCO et 17 000 d'entre elles sont au stade d'invalidité respiratoire [5].

1.3.4 Le cancer des poumons

Le cancer du poumon se forme dans les cellules des poumons et se développe lorsqu'un groupe de cellules anormales commence à se multiplier et à former des bosses appelées tumeurs. Le cancer du poumon peut également se propager à d'autres parties du corps (métastaser) [6]. Les symptômes du cancer du poumon peuvent inclure une toux persistante, une respiration sifflante, un essoufflement, une douleur thoracique et une perte de poids inexplicable. [7]

En 2020, il est le premier cancer en termes de décès dans le monde, atteignant 1,80 million de décès [8].

En Algérie, le cancer du poumon constitue un véritable fléau avec environ 35 000 nouveaux cas/an et 20 000 décès/an. En effet et malgré toutes les avancées thérapeutiques, le pronostic du cancer bronchique reste très mauvais. [9]

Dans la section suivante nous traiterons de manière plus détaillé le cancer des poumons.

1 Généralités sur le cancer des poumons

En nous basant sur la définition présentée précédemment, Le cancer du poumon survient lorsque les cellules des poumons se divisent de manière incontrôlée, entraînant la croissance de tumeurs. Les tumeurs peuvent réduire la capacité d'une personne à respirer, et elles peuvent se propager à d'autres parties du corps [10].

Nous distinguons deux types de cancer des poumons :

- Le cancer du poumon à petites cellules (SCLC).
- Le cancer du poumon non à petites cellules (NSCLC).

2 Le cancer du poumon à petites cellules (SCLC)

Les cancers du poumon à petites cellules représentent environ 15% des cancers du poumon et sont difficiles à soigner car il se propage souvent rapidement dans le corps. Les signes et symptômes du SCLC peuvent comprendre une toux persistante, des douleurs thoraciques, une respiration sifflante et une fatigue générale. Le traitement de ce type de cancer dépendra de la taille et de la propagation de la tumeur, mais peut impliquer une combinaison de chirurgie, de radiothérapie et de chimiothérapie.[7]

Dans 95% des cas, les cancers du poumon à petites cellules sont liés au tabagisme [11].

3 Le cancer du poumon non à petites cellules (NSCLC)

Les cancers du poumon non à petites cellules représentent environ 85% des cas de cancer du poumon, il commence dans les cellules qui tapissent les bronches et les alvéoles des poumons.

Les types de cancer du poumon non à petite cellules sont :

- **Le SCC (carcinome épidermoïde)**

Se produise généralement dans les bronches au centre des poumons, mais environ un tiers d'entre eux se développent à la périphérie. Ce type de NS-

CLC est plus susceptible de provoquer des ulcères dans les bronches et des saignements que les autres formes [12].



FIGURE 1.2 – Présentation typique d'un CE de siège central [12]

- **L'adénocarcinome**

Ils représentent 40% des cancers non à petites cellules [13]. Ils commencent au milieu des poumons, mais environ 25% se développent le long de la périphérie pulmonaire. Ces tumeurs sont petites et les cellules doublent également environ tous les 180 jours. Ils sont susceptibles de métastaser tôt. La forme connue sous le nom d'adénocarcinome bronchoalvéolaire se développe dans les alvéoles et peut se propager par les voies respiratoires à d'autres parties du poumon.[12]

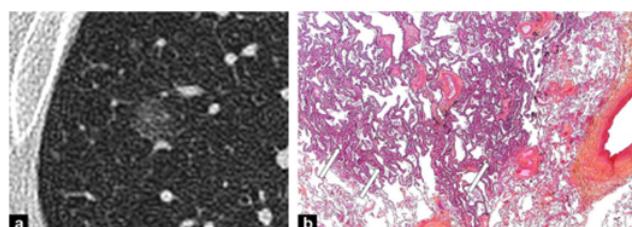


FIGURE 1.3 – L'adénocarcinome[12]

- **Carcinomes à grandes cellules**

Ils représentent 20% des cancers non à petites cellules [13]. Ce sont des tumeurs volumineuses qui se développent généralement à la périphérie de l'organe. Cependant, ils peuvent survenir n'importe où dans le poumon [12].

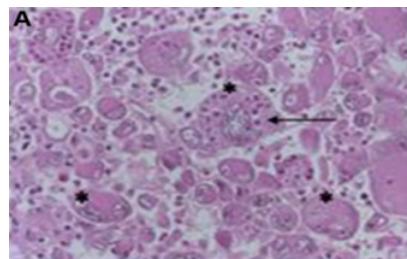


FIGURE 1.4 – Carcinome à cellules géantes[12]

1.3.5 Les nodules pulmonaires

Communément appelé "tache sur le poumon" ou "ombre", un nodule est une petite masse ou lésion qui se forment dans les poumons et se présente comme une tache blanche sur un scanner[17]. Les nodules pulmonaires présentent des variations en termes de formes, de tailles et de caractéristiques. Le risque de malignité de ces nodules dépend de plusieurs facteurs, notamment leur taille, leur apparence, leur texture et leur position dans les poumons. Il est possible que vous deviez passer des tomodensitogrammes régulièrement pour surveiller l'évolution du nodule.[14]



FIGURE 1.5 – Nodules pulmonaires [85]

1 Les types des nodules pulmonaires

• Nodules solides

Ces nodules sont denses et ont une apparence homogène sur les images d'imagerie. Ils peuvent être bénins ou malins.

- **Nodules partiellement solides**

Ces nodules ont une partie centrale dense et une partie périphérique moins dense, ce qui peut être un signe de cancer du poumon.

- **Nodules mixtes**

Associant une partie solide et une partie non solide.

La classification de ces nodules est importante pour déterminer leur risque de malignité et pour décider du traitement approprié.

2 Causes de cancer de poumon

Il y'a plusieurs causes qui peuvent entraîner un cancer de poumons, nous citerons quelques-uns :

- Grosse consommation de tabacs.
- Les antécédents familiaux.
- L'exposition à des substances cancérogènes.
- La pollution de l'air.

3 Traitement et dépistage

Il n'existe malheureusement pas de traitement spécifique pour guérir le cancer du poumon. Cependant, un dépistage précoce de ce cancer lors de sa première phase permet de mettre en place un traitement visant à limiter les dommages causés par la maladie.

Il existe deux méthodes de dépistage :

1. **Tests sanguins**

Les tests sanguins ne sont pas utilisés pour diagnostiquer le cancer du poumon, mais ils peuvent aider à se faire une idée de l'état de santé général d'une personne. Par exemple, ils peuvent être utilisés pour aider à déterminer si une personne est en assez bonne santé pour subir une intervention chirurgicale. [15]

2. **Cytologie des expectorations**

Examen au microscope des cellules trouvées dans les expectorations. Le test vérifie les cellules anormales, telles que les cellules cancéreuses du poumon. [16]

3. Tests d'imagerie

Les tests d'imagerie utilisent des rayons X, des champs magnétiques, des ondes sonores ou des substances radioactives pour créer des images de l'intérieur de votre corps.

Parmi ces tests nous pouvons citer les :

- CT-scan (appelé aussi Computed tomography scan)
- TP-scan (connu sous le nom de Positron emission tomography scan).[15]

1.4 Imagerie médicale

1.4.1 Définition

L'imagerie médicale fait référence à plusieurs technologies différentes qui sont utilisées pour visualiser le corps humain afin de diagnostiquer, surveiller ou traiter des conditions médicales. Chaque type de technologie fournit des informations différentes sur la zone du corps étudiée ou traitée, en rapport avec une éventuelle maladie, une blessure ou l'efficacité d'un traitement médical. [18]

1.4.2 Les techniques d'imagerie médicale utilisées pour la détection de nodules pulmonaires cancéreux

Il existe différentes méthodes de l'imagerie médicale utilisées dans le domaine de la santé, on cite parmi elle :

• Radiographie

La radiographie médicale est un terme général qui couvre plusieurs types d'études qui nécessitent la visualisation des parties internes du corps à l'aide de techniques de rayons X. La radiographie désigne une technique de génération et d'enregistrement d'un schéma de rayons X dans le but de fournir à l'utilisateur une ou des images statiques après la fin de l'exposition. [20]

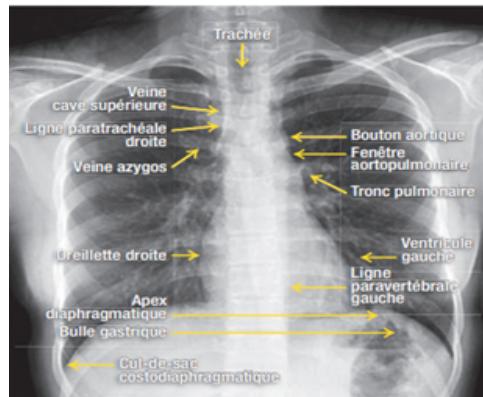


FIGURE 1.6 – Radiographie des poumons [86]

1. Avantages :

- Donner suite à des résultats douteux obtenus lors d'un examen physique ou d'une analyse de laboratoire. [21]
- Déterminer la taille, la forme et l'emplacement des tumeurs ainsi que le stade du cancer. [21]
- Savoir si le traitement du cancer est efficace en comparant la taille de la tumeur, avant, pendant et après le traitement. [21]

2. Inconvénients :

- Pour la radiographie, on émet un rayonnement ionisant de faible niveau. Le rayonnement ionisant est assez puissant pour endommager les cellules de notre corps et accroître la possibilité qu'un cancer apparaisse. [21]
- Dans de très rares cas, le produit de contraste peut causer des réactions allergiques. [21]

• Technique par résonances magnétiques (IRM)

C'est une procédure d'imagerie médicale permettant de réaliser des images des structures internes du corps. Les scanners IRM utilisent des champs magnétiques puissants et des ondes radio (énergie radiofréquence) pour créer des images. Le signal d'une image IRM provient principalement des protons des molécules de graisse et d'eau du corps. [19]



FIGURE 1.7 – Image d'une IRM [87]

1. Avantages :

- Permet de prendre des images de différentes parties du corps et dans différentes directions.
- L'IRM offre un meilleur contraste des tissus mous que la TDM et peut mieux différencier la graisse, l'eau, les muscles et les autres tissus mous.
- Permet de diagnostiquer de grandes variétés de maladies ou d'infections.

2. Inconvénients :

- La variation du champ magnétique qui peut endommager le scanner ou blesser le patient.
- Le champ magnétique crée des bruits de cognement qui peuvent nuire à l'ouïe du patient.
- L'énergie radiofréquence utilisée lors de l'examen IRM pourrait entraîner un échauffement du corps. Le potentiel d'échauffement est plus important lors d'examens IRM longs.[21]

• Tomodensitométrie du thorax

La tomodensitométrie (TDM), parfois appelée " tomodensitométrie " ou " tomodensitométrie axiale (CAT) ", est un examen médical non invasif ou une procédure qui utilise un équipement à rayons X spécialisé pour produire des images en coupe transversale du corps. Chaque image en coupe représente " une tranche " de la personne photographiée, comme les tranches d'une miche de pain. Ces images en coupe transversale sont utilisées à diverses fins diagnostiques et thérapeutiques. [22]

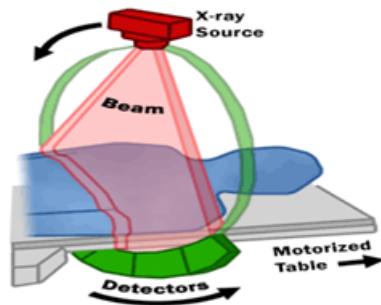


FIGURE 1.8 – Dessin du faisceau en éventail CT (à gauche) et du patient dans un système d'imagerie CT [88]



FIGURE 1.9 – Image CT scan d'une coupure verticale du poumon en mettant en évidence une zone anormale [88]

1. Avantages :

- Fournir des informations détaillées pour diagnostiquer, planifier le traitement et évaluer de nombreuses affections chez les adultes et les enfants. [22]
- Aider de manière non invasive et sans douleur à diagnostiquer la maladie et à surveiller le traitement.
- Dépistage prématué du cancer ce qui facilite l'élaboration d'un traitement.

2. Inconvénients :

- La TDM est une technique d'imagerie coûteuse, en particulier si plusieurs examens sont nécessaires.
- Il ne peut pas remplacer un historique médical ou un examen physique

pertinent.

- La TDM utilise des rayons X, ce qui peut exposer le patient à des niveaux élevés de rayonnement ionisant. Bien que les doses de rayonnement soient généralement faibles, les risques de cancer et d'autres effets secondaires liés aux rayonnements augmentent avec la dose.[23]

1.5 L'Intelligence artificielle et le domaine médical

L'usage de l'intelligence artificielle (IA) dans l'imagerie médicale est de plus en plus courant. Les algorithmes d'IA sont capables d'analyser des images médicales comme les radiographies, les tomodensitogrammes ou les IRM pour fournir des diagnostics précis et rapides, ce qui facilite la tâche pour les médecins.

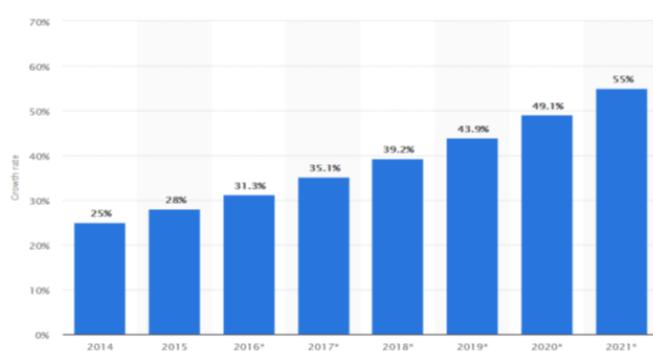


FIGURE 1.10 – Utilisation de L'IA dans le domaine médical de 2014 à 2021 [89]

L'IA a de nombreuses applications dans le domaine de l'imagerie médicale, particulièrement pour la détection et la classification de tumeurs, notamment dans le cas de cancers du poumon, du sein et de la prostate. Ceci en utilisant en utilisant des algorithmes d'apprentissage en profondeur pour identifier les caractéristiques qui distinguent les différentes pathologies.

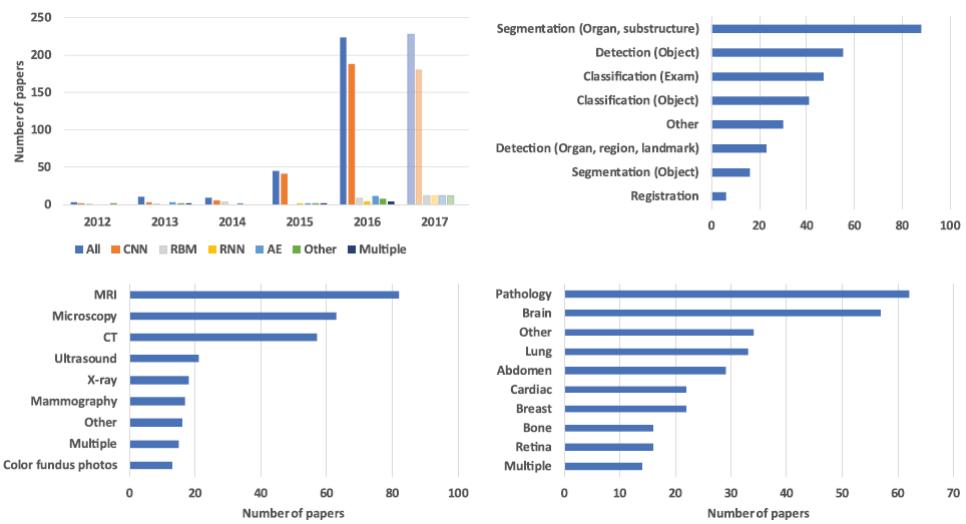


FIGURE 1.11 – Le nombre d’articles pour l’année 2017 concernant l’utilisation de l’IA en imagerie médicale [90]

Les algorithmes d’IA peuvent traiter des volumes de données importants en peu de temps, ce qui permet de gagner du temps et de réduire les coûts associés à la collecte et à l’analyse des données. Ainsi, réduire les délais de diagnostic pour une analyse plus rapide des images médicales.

La figure ci-dessus présente le nombre d’articles publiés en janvier 2017 sur l’utilisation de l’IA dans le domaine médical. Ces techniques ont connu une hausse significative d’utilisation dans le domaine médical depuis 2015. En janvier 2017, le nombre total d’articles publiés se situe entre 200 et 250, dont 180 portent sur les CNN. La segmentation des organes est la thématique la plus abordée avec près de 100 publications, suivie des articles sur la détection des objets et la classification. Pour ce qui est des poumons, le nombre d’articles publiés se situe entre 30 et 40. Les images les plus fréquemment utilisées dans ces articles sont de type IRM, microscopique et les CT scannes.

Cependant, il est essentiel de souligner que l’utilisation de l’IA doit toujours être complémentaire à l’expertise humaine et que les professionnels de la santé doivent rester les décisionnaires finaux, car c’est un outil complémentaire pour améliorer les processus de diagnostic et de traitement.

1.5.1 Application de l'intelligence artificielle dans le domaine de l'imagerie médicale

L'intelligence artificielle (IA) est le sujet le plus discuté aujourd'hui dans la recherche en imagerie médicale, tant au niveau diagnostique et thérapeutique. Pour l'imagerie diagnostique uniquement, le nombre de publications sur l'IA est passé d'environ 100-150 par an en 2007-2008 à 1000-1100 par an en 2017-2018. [24].

Nous citerons dans ce qui suit les différentes applications de l'IA en imagerie médicale :

1 L'Apprentissage profond en Radiologie

En fait, les algorithmes d'apprentissage profond sont devenus une méthodologie de choix pour l'analyse de l'imagerie radiologique. Modalités d'image comme le CT, l'IRM, l'ultrasonographie, et différentes tâches telles que la détection de tumeurs, la segmentation, la prédition de maladies. Les recherches ont montré que les méthodes basées sur l'apprentissage profond améliorent considérablement les performances par rapport aux algorithmes classiques d'apprentissage automatique. Comme l'apprentissage humain, l'apprentissage profond apprend à partir d'une énorme quantité d'exemples d'images. Cependant, il peut prendre beaucoup moins de temps, car il ne dépend que des données conservées et de leur contenu mais il dépend uniquement de données conservées et des métadonnées correspondantes plutôt que de l'expertise du domaine, dont le développement prend généralement des années, mais elle a tout de même montré des performances en plateau au cours des dernières années, et avec le succès actuel de l'IA dans la recherche sur les images, on s'attend à ce que l'IA domine davantage la recherche d'images en radiologie. [24].

2 Elaboration de traitement pour le cancer

Des études récentes ont souligné que les avantages de l'IA dans les soins contre le cancer vont au-delà de l'optimisation des stratégies de traitement actuellement établies. L'IA est également applicable dans des contextes précliniques tels que la recherche fondamentale / translationnelle et le développement de médicaments anticancéreux.[25]

3 Détection de cancer

Les modèles prédictifs alimentés par l'IA sont désormais un élément crucial du traitement du cancer. Les modèles prédictifs peuvent établir la probabilité qu'une personne soit atteinte d'un certain cancer en identifiant les facteurs de risque. Avant que la maladie ne s'installe, l'IA peut reconnaître ceux qui sont à risque élevé de la contracter. Cela permet aux professionnels de la santé de surveiller de près ces patients et d'agir rapidement si nécessaire.[26]

1.5.2 Détection du cancer du poumon en utilisant l'intelligence artificielle et la vision par ordinateur

Le développement permanent de la technologie et de l'informatique en particulier a permis de développer des méthodes de détection du cancer du poumon en utilisant différentes approches de l'intelligence artificielle tel que les réseaux de neurones, sans oublier la vision par ordinateur.

Nous citons parmi ces technologies : **IRM, Ct-scan, Radiologie, Radiographie**. L'ensemble des ces inventions a donné naissance à un nouveau terme dans le domaine de la médecine. Ce terme est "**la détection aidée par ordinateur**".

- **La détection aidée par ordinateur :**

La technologie CAD, abréviation de " Computer Aided Detection " en anglais, a pour objectif de minimiser les erreurs d'interprétation et, par conséquent, les taux de faux négatifs, lors de l'examen d'images médicales par les professionnels de la santé. Des études cliniques ont montré que l'utilisation de la CAD pour la détection du cancer du sein peut augmenter les taux de détection de la maladie.[27]

La détection assistée par ordinateur (CAD) est un instrument très important pour le diagnostic des lésions pulmonaires en imagerie médicale.[28]

Le système de détection aidé par ordinateur se divise en 4 étapes :

1. **Acquisition des images :**

Les images issues d'un test de dépistage tel que la " tomodensitométrie ".

2. Prétraitement des images :

L'application de différents filtres pour l'atténuation du bruit et augmenté la netteté de images.

3. Segmentation des images :

La segmentation des poumons à partir d'images thoraciques est une étape cruciale de tout système de CAD qui peut conduire au diagnostic précoce du cancer du poumon, ainsi que d'autres maladies pulmonaires. La segmentation des poumons est un problème très difficile en raison des inhomogénéités de la région pulmonaire, des structures pulmonaires de densité similaire telles que les artères, les veines, les bronches et les bronchioles, et des différents scanners et protocoles de numérisation.[29]

4. Classification des images :

Une fois que les nodules pulmonaires ont été détectés et segmentés à partir des images thoraciques correspondantes, la tâche suivante consiste à déterminer le type de nodules.[29]

1.6 Travaux Pertinents

1.6.1 Les travaux de D. Palani et K. Venkatalakshmi. [30]

Ils ont élaboré un nouvel internet des objets (IoT) basé sur un modèle prédictif en utilisant les images médicales obtenues après avoir effectué des tests médicaux. Leur méthode se base sur l'utilisation d'une méthode de clustering flou (fuzzy clustering) pour produire une segmentation d'images précise et un apprentissage profond pour la partie classification.

Le système réalisé est divisé comme suit :

- **Base de données :** Cette base de données sert de stockage pour les images introduites.
- **Les objets connectés (IoT objects) :** Sont attachés au patient, au moment de la capture d'une image, les informations nécessaires comme la pression sanguine, taux de Glycémie, etc.
- **Un module de prétraitement :** Le système effectue un ensemble d'opérations sur les images pour les utiliser dans la classification. Les images sont converties de l'espace couleur RGB vers HSV, pour être segmentées, et enfin une extraction des caractéristiques pertinentes est effectuée. En sortie, le système retourne une image segmentée et un vecteur de caractéristiques.

-
- **Module de clustering :** Utilise un algorithme existant Fuzzy K-means, le but est de regrouper les images segmentées à l'étape précédente.
 - **Module de Classification :** C'effectue la classification des images résultantes du module de clustering. Ce module se compose de deux (02) sous composants :
 - Règles d'associations.
 - Arbre de décision.

1.6.2 Les travaux de S.Bhatia et al. [31]

Cette approche a pour but de détecter la présence de cancer au sein d'images CT-scan du poumon. Les auteurs effectuent un prétraitement sur ces images afin de les utiliser dans un réseau de neurones résiduel (Residual neural network en anglais) et un modèle UNet pour extraire les caractéristiques. Ensuite, les caractéristiques extraites sont traitées dans des classificateurs comme XGBosst et Random Forest afin de prédire si l'image contient un cancer de poumon ou non. La classification s'effectue en regroupant l'ensemble des prédictions obtenues par l'association des classificateurs par exemple une association de ResNet + XGBosst. Cette approche a permis d'atteindre une précision de 84% en utilisant la dataset LIDC-IDRI.

1.6.3 X-caps : Encoding Visual Attributes in Capsules for Explainable Medical Diagnoses. [32]

L'approche a pour but de développer un model (nommé **X-caps**) qui simule la réflexion du cerveau humain en utilisant une méthode explicative. Les méthodes explicatives fournissent des explications aux prédictions qu'ils émettent. Les auteurs ont utilisé un réseau de neurones à capsules (CapsNet) qui sont un ensemble de capsules où chaque une contient plusieurs neurones qui représentent un objet complexe avec ses attributs. Ils ont été introduits par **Geoffrey E. Hinton**. Les auteurs proposent un réseau de neurones à capsules multitâches où en entrée il reçoit une image CT-scan d'un poumon. Le but de représenter les mêmes critères de classification (attributs visuelles) qu'utilisent les radiologistes, ces critères sont : subtilité (sub), sphéricité (sph), marge (mar), lobulation (lob), spiculation (spi) et texture (tex).

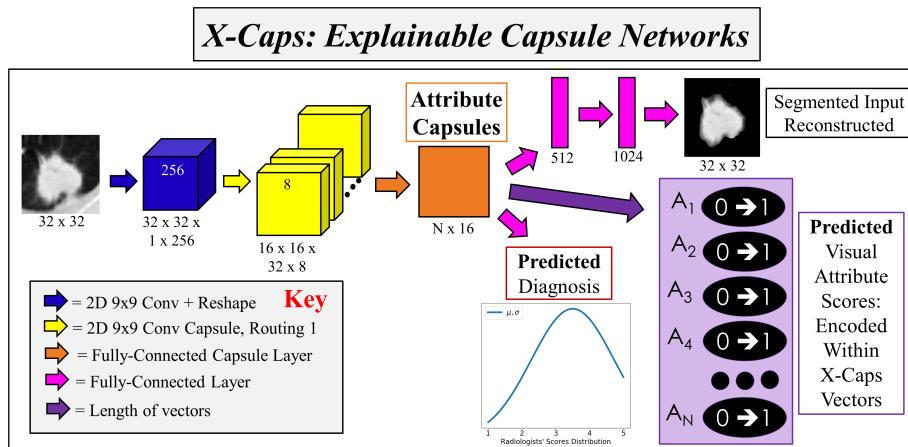


FIGURE 1.12 – Réseau de neurones à capsules multitâches X-caps. [32]

Afin de retourner des prédictions, ils ajoutent un réseau de neurones totalement connecté aux attributs de capsules. Ils ont effectué des expériences sur l’ensemble de données LIDC, où au moins 3 radiologues ont annoté 646 nodules bénins et 503 nodules malins, à l’exclusion des nodules de score moyen de malignité exactement 3. La méthode proposée a été comparée au CNN explicable de pointe pour le diagnostic du cancer du poumon, appelé HSCNN, qui est un CNN 3D profond, dense et à double chemin, ainsi que deux CNN 3D explicables et le CapsNet original. Les résultats des expériences montrent que la supervision des attributs appris dans les vecteurs du réseau de capsules améliorait significativement les performances.

1.6.4 Les travaux de S.Nageswaran et al. [34]

Les chercheurs ont constitué un ensemble de données comprenant 83 tomodensitogrammes de 70 patients différents, qu’ils ont prétraités en utilisant le filtre de moyenne géométrique pour améliorer la qualité d’image et réduire le bruit. La segmentation des images a été effectuée à l’aide de la méthode K-means. Ensuite, l’extraction des caractéristiques est accomplie en utilisant la méthode supervisée d’Analyse Discriminante Linéaire (LDA) qui cherche à identifier un sous-espace de caractéristiques qui maximise la possibilité de restauration de classe. Enfin, plusieurs méthodes de classification basées sur l’apprentissage automatique, telles que ANN, KNN et RF, ont été utilisées. Les résultats ont montré que le modèle ANN a produit des prédictions plus précises pour le cancer du poumon que les autres méthodes de classification testées.

1.6.5 Les travaux de P.Bruntha et al. [35]

Cet article scientifique propose une approche hybride de classification des nodules pulmonaires en bénins et malins en combinant des caractéristiques profondes et manuelles. Les chercheurs ont utilisé l'ensemble de données LIDC/IDRI, composé de 1018 scans, chaque scan contenant des images CT du thorax et un fichier XML contenant les annotations de 4 radiologues. Le système utilise le modèle ResNet50 modifié grâce à l'apprentissage par transfert pour extraire les caractéristiques profondes, combinées avec les caractéristiques extraites à partir de l'histogramme traditionnel des caractéristiques de gradient orienté (HOG). Pour réduire la complexité et le temps de calcul, les chercheurs ont introduit l'analyse en composantes principales (ACP), qui réduit la dimension des données tout en préservant les informations importantes. Pour la classification, la fonction de base radiale SVM (RBF-SVM) a été utilisée.

1.6.6 Les travaux de I.Shafi et al. [36]

Les chercheurs ont utilisé le jeu de données LUNA16, dérivé de la base de données LIDC/IDRI, pour classifier les nodules pulmonaires. La phase de prétraitement et segmentation des données a impliqué l'utilisation d'un réseau à capsules basé sur l'apprentissage en profondeur CapsNet, qui a permis de maintenir la position et les propriétés des objets. Les résultats obtenus avec la segmentation à base de capsules étaient supérieurs à ceux obtenus avec d'autres techniques telles que U-net.

Les caractéristiques extraites par le réseau de neurones ont été classées par SVM, qui est plus précis lorsque le nombre de dimensions est supérieur au nombre d'échantillons, mais qui ne fonctionne pas bien sur un grand jeu de données.

1.7 Conclusion

Dans ce chapitre, nous avons dressé un état de l'art sur les différentes parties liées directement au contexte de notre travail, notamment le cancer du poumon, l'imagerie médicale, l'utilisation de l'intelligence artificielle et de la vision par ordinateur pour la détection automatique des nodules pulmonaires, ainsi que les travaux connexes sur le sujet.

Nous avons présenté un aperçu général et détaillé de ces différents éléments pour établir une base solide pour la conception de notre outil de diagnostic du cancer du poumon.

Dans le chapitre suivant, nous exposerons un ensemble d'outils mathématiques et informatiques qui nous aideront à concevoir cet outil visant à réduire le nombre de décès causés par cette maladie.

2

Outils de conception

2.1 Introduction

Les avancées dans le traitement d'images et l'apprentissage profond ont transformé le domaine médical en fournissant des outils essentiels pour un diagnostic rapide et précis des maladies. En effet, ces techniques permettent de visualiser la structure et le comportement des maladies, offrant ainsi une assistance automatique aux cliniciens.

L'objectif de ce chapitre est de présenter les concepts et les méthodologies de traitement d'images, ainsi que les fondamentaux de l'apprentissage profond, y compris les modèles de segmentation et de classification utilisés. Nous aborderons également la théorie des jeux, un outil de décision qui peut être utilisé en cas de conflit de classification.

Ce chapitre fournira ainsi des informations précieuses pour les étudiants et les professionnels souhaitant se lancer dans un projet de recherche en imagerie médicale et en apprentissage automatique.

2.2 Extraction des caractéristiques

L'extraction de caractéristiques décrit les informations de forme pertinentes contenues dans un motif, de sorte que la tâche de classification du motif soit facilitée par une procédure formelle. En reconnaissance de motifs et en traitement d'images, l'extraction de caractéristiques est une forme particulière de réduction de dimensionnalité. L'objectif principal de l'extraction de caractéristiques est d'obtenir les informations les plus pertinentes à partir des données originales et de représenter ces informations dans un espace de dimension inférieure[41].

2.2.1 Les Primitives

En traitement d'images, une primitive d'une image est une caractéristique de celle-ci permettant de décrire une partie spécifique ou l'ensemble de l'image en termes quantitatifs ou qualitatifs.

Les primitives peuvent être des caractéristiques simples telles que la couleur, la texture ou la forme, ou des caractéristiques plus complexes obtenues à partir de l'analyse de l'image en utilisant des techniques avancées telles que la transformée de Fourier. [42]

Les points d'intérêt d'une image sont couramment utilisés pour la segmentation, la classification ou la détection d'objets dans une image. Il existe plusieurs méthodes qui permettent d'extraire les primitives d'une image, nous allons aborder les plus utilisées.

2.2.2 La matrice de co-occurrence de gradients (GLGCM)

En 1973, Haralick et ses collaborateurs ont introduit la méthode de la matrice de co-occurrence à niveau de gris (GLCM) [43].

Cette méthode permet de mesurer la fréquence à laquelle un motif formé de deux pixels séparés par une distance d déterminée dans une direction θ donnée par rapport à l'horizontale apparaît, et \mathbf{d} la distance entre deux points dans l'image et θ est l'angle entre ces deux points.

$$\mathbf{d} = (dx, dy) = (d\cos\theta, d\sin\theta) \dots \dots \dots (1)$$

En traitement d'images, la matrice de co-occurrence n'est pas directement utilisée, car elle contient une grande quantité d'informations difficiles à manipuler. Pour pallier cela, Haralick et al[43] ont proposé quatorze mesures, appelées indices

de texture. Ces derniers ont pour objectif de résumer l'information contenue dans la matrice de co-occurrence et de permettre une meilleure distinction entre les différents types de textures. Les caractéristiques de texture les plus souvent utilisées selon M.Unser[44] sont :

p(i,j) correspond aux éléments de la matrice de cooccurrence.

La Moyenne :

$$f1 = \sum_i \sum_j i \cdot p(i, j) \dots \dots \dots (2)$$

L'énergie :

L'énergie est une mesure qui permet de caractériser l'homogénéité d'une image. Une valeur élevée d'énergie signifie qu'il y a un grand nombre de transitions de niveaux de gris dans l'image.

$$f2 = \sum_i \sum_j p(i, j)^2 \dots \dots \dots (3)$$

Le contraste :

Cette mesure permet de caractériser la netteté de la texture. Lorsque les variations des niveaux de gris sont importantes, le contraste sera élevé.

$$f3 = \sum_i \sum_j (i - j)^2 p(i, j) \dots \dots \dots (4)$$

L'homogénéité :

Cette mesure est le contraire du contraste, ce qui signifie qu'une valeur élevée de cet indice est caractéristique d'une texture homogène.

$$f4 = \sum_i \sum_j \frac{1}{1 + (i - j)^2} p(i, j) \dots \dots \dots (5)$$

L'entropie :

L'entropie permet de caractériser le degré de grandeur des granules dans l'image, qui peuvent avoir des interprétations différentes, par exemple dans le domaine de la médecine, les granules peuvent être des tumeurs, des micro-calcifications, ou des anomalies dans une radiographie.

$$f5 = - \sum_i \sum_j p(i, j) \bullet \log(p(i, j)) \dots \dots \dots (6)$$

2.2.3 Le filtre de Gabor

Les filtres de Gabor, inventés par Dennis Gabor[45], sont des filtres linéaires utilisés en traitement d'images. Ils combinent une sinusoïde modulée par une fonction gaussienne, appelée ondelette de Gabor. Grâce à leur capacité à travailler à différentes fréquences et orientations, ils sont capables d'extraire les caractéristiques visuelles d'une image de manière précise et détaillée.

Cas 1D :

La réponse impulsionnelle d'un filtre de Gabor est le produit d'une gaussienne et d'une exponentielle complexe. En 1D, l'expression d'un filtre de Gabor est donnée par :

$$g(x) = \exp\left(-\frac{x^2}{2\sigma^2}\right) \cos(2\pi f x + \phi) \dots (7)$$

où :

x est la variable indépendante représentant la position dans l'espace.

σ est l'écart-type du noyau gaussien qui contrôle la largeur du filtre en fréquence.

f est la fréquence centrale du filtre de Gabor.

ϕ est la phase du filtre de Gabor.

Cas 2D :

En 2D, le filtre de Gabor est défini par une gaussienne bidimensionnelle modulée par une fonction sinusoïdale plane. L'expression du filtre de Gabor 2D est donnée par :

$$g(x, y) = \exp\left(-\frac{x'^2 + y'^2}{2\sigma^2}\right) \cos(2\pi f(x' \cos \theta + y' \sin \theta) + \phi) \dots (8)$$

où :

x' et y' sont les variables indépendantes représentant les positions dans l'espace 2D.

σ est l'écart-type du noyau gaussien qui contrôle la largeur du filtre en fréquence.

f est la fréquence centrale du filtre de Gabor.

ϕ est la phase du filtre de Gabor.

θ est l'orientation du filtre de Gabor, définie par rapport à l'axe horizontal.

Dans cette formule, x' et y' sont les coordonnées spatiales après avoir été projetées dans le système de coordonnées local défini par l'orientation du filtre θ .

La projection est réalisée en effectuant une rotation inversée par rapport à θ :

$$x' = x \cos \theta + y \sin \theta \dots (9)$$

$$y' = -x \sin \theta + y \cos \theta \dots (10)$$

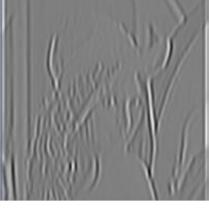
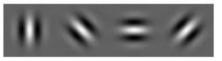
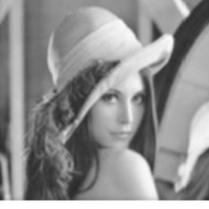
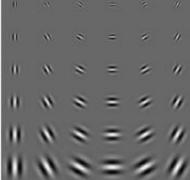
		Orientation : L'application d'un seul filtre fait ressortir les contours orientés perpendiculairement par rapport à son orientation.
		Orientations multiples : L'application d'un banc à plusieurs orientations permet de détecter des contours plus nombreux.
		Écarts-types : Si l'on fait varier σ_x de manière à ce qu'il soit inférieur à σ_y , les filtres deviennent moins sensibles aux contours et le banc se comporte (dans un état limite) comme un simple flou gaussien. Si l'on applique la variation inverse, le résultat, légèrement plus net, ne présentera pas de grandes différences avec un filtrage symétrique.
		Fréquence : Si on utilise plusieurs fréquences, le tracé devient beaucoup plus net, le filtre est sensible à de plus nombreux contours en termes d'épaisseur.

FIGURE 2.1 – Influence des paramètres du filtre de Gabor [91]

2.3 Intelligence artificielle

L'intelligence artificielle (IA) se réfère à la capacité des machines ou des ordinateurs à simuler les processus cognitifs humains tels que l'apprentissage, la résolution de problèmes, la reconnaissance de la parole, la prise de décision, etc. Elle utilise des algorithmes sophistiqués pour analyser des données et en extraire des modèles et des tendances.

L'évolution de l'informatique et processeurs de calcul a beaucoup aidé à l'évolution de l'intelligence artificielle qui aida au développement de différents approches et concepts comme le **Machine learning**, **Natural Language Processing**, **Deep Learning**.

Nous présenterons dans ce qui suit le machine learning et des concepts généraux.

2.3.1 Apprentissage automatique

L'apprentissage automatique(Machine Learning) décrit la capacité des systèmes à apprendre à partir de données d'entraînement spécifiques à un problème, afin d'automatiser le processus de construction de modèles analytiques et de résoudre les tâches associées. [46]

L'apprentissage automatique est un sous-ensemble de l'IA qui apprend à prendre des décisions en adaptant des modèles mathématiques aux données observées. Ce domaine a connu une croissance explosive et est désormais (à tort) presque synonyme d'IA. [47]

2.3.2 Apprentissage profond

L'Apprentissage profond(Deep Learning), est une branche de l'apprentissage machine et de l'intelligence artificielle, est désormais considéré comme une technologie clé de la Quatrième Révolution Industrielle (4IR ou Industrie 4.0). Cette technologie permet d'apprendre à partir de données et s'appuie sur les réseaux de neurones artificiels pour ce faire. En raison de ses capacités d'apprentissage, le Deep Learning est devenu un sujet de recherche important dans le domaine du traitement informatique et est largement utilisé dans divers domaines tels que les

soins de santé, la reconnaissance visuelle, l'analyse de texte, la cybersécurité, et bien d'autres. [48]

Difference entre l'apprentissage profond et l'apprentissage automatique :

Selon Yann LeCun, les techniques conventionnelles d'apprentissage machine étaient limitées dans leur capacité à traiter les données naturelles dans leur forme brute. Pendant des décennies, la construction d'un système de reconnaissance de motifs ou d'apprentissage machine nécessitait une expertise considérable dans le domaine pour concevoir un extracteur de caractéristiques qui transformait les données brutes (comme les valeurs de pixels d'une image) en une représentation interne ou un vecteur de caractéristiques approprié à partir duquel le sous-système d'apprentissage, souvent un classificateur, pouvait détecter ou classer des motifs dans l'entrée. [49]

Les méthodes d'apprentissage profond sont des méthodes d'apprentissage de représentation avec plusieurs niveaux de représentation, obtenus en composant des modules simples mais non linéaires qui transforment chacun la représentation à un niveau donné (en commençant par l'entrée brute) en une représentation à un niveau plus élevé, légèrement plus abstraite. Avec la composition de suffisamment de telles transformations, des fonctions très complexes peuvent être apprises. [49]

1 Les réseaux de neurones artificiels

Les réseaux de neurones artificiels (ANN) sont une technologie basée sur l'étude du cerveau et du système nerveux. Ces réseaux imitent les réseaux de neurones biologiques, mais ils utilisent un ensemble réduit de concepts issus des systèmes neuronaux biologiques. Plus précisément, les modèles de réseaux de neurones artificiels simulent l'activité électrique du cerveau et du système nerveux. Ils offrent un moyen de traiter les problèmes complexes orientés vers des motifs, qu'ils soient de type de catégorisation ou d'analyse de séries temporelles (analyse de tendance). La nature non paramétrique des réseaux de neurones permet de développer des modèles sans avoir de connaissances préalables sur la distribution de la population de données ou les effets d'interaction possibles entre les variables, contrairement aux méthodes statistiques paramétriques couramment utilisées. [50]

2 Les réseaux de neurones convolutifs

Les réseaux de neurones convolutifs (CNN) sont analogues aux réseaux de neurones artificiels traditionnels (ANN) en ce sens qu'ils sont composés de neurones qui s'auto-optimisent grâce à l'apprentissage. Chaque neurone reçoit toujours une entrée et effectue une opération (comme un produit scalaire suivi d'une fonction non linéaire) - la base de nombreux ANN. Depuis les vecteurs d'images brutes en entrée jusqu'à la sortie finale du score de classe, l'ensemble du réseau exprimera toujours une seule fonction de score perceptif (le poids). La dernière couche contiendra des fonctions de perte associées aux classes, et tous les trucs et astuces réguliers développés pour les ANN traditionnels s'appliquent toujours. La seule différence notable entre les CNN et les ANN traditionnels est que les CNN sont principalement utilisés dans le domaine de la reconnaissance de motifs dans les images. Cela nous permet d'encoder des caractéristiques spécifiques à l'image dans l'architecture, rendant le réseau plus adapté aux tâches axées sur l'image - tout en réduisant encore davantage les paramètres nécessaires pour configurer le modèle.[92]

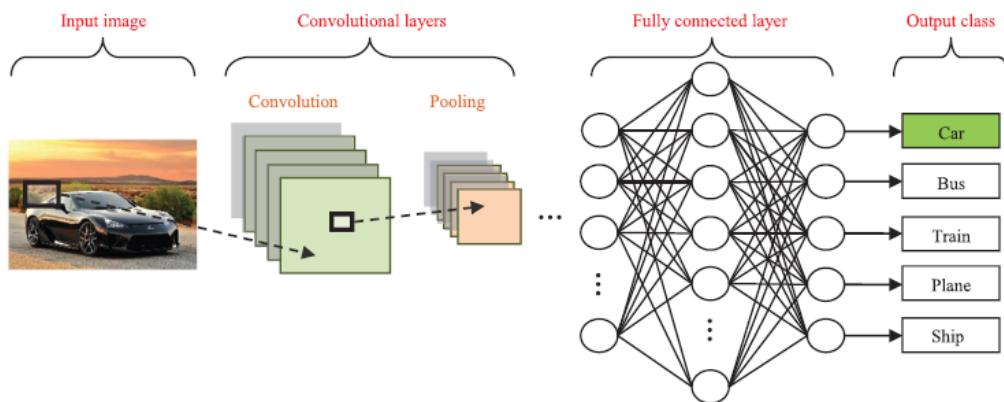


FIGURE 2.2 – Architecture d'un CNN [92]

2.4 Les réseaux de neurones à capsules

2.4.1 Historique

Les réseaux de neurones à capsules ont été introduits par **Goffrey Hinton** et ses collègues dans son article publié en 2011, intitulé ”**Transforming auto-encoders**”[51]. L’objectif de cet article était de créer une entité qui serait ”équivariante” à la position et à l’orientation, d’où lui est venu l’idée des réseaux de neurones à capsules. Cependant, dû à la faible capacité de calcul il n’a pas pu implémenter ses méthodes.

En 2017, grâce à l’introduction de la puissance de calcul des cartes graphiques dans le domaine de l’intelligence artificielle. Il a publié avec l’aide de **Sara Sabour** un nouvel article ”**Dynamic routing between capsules**”[33], où ils présentent un nouveau type de réseau de neurones, ”**le réseau de neurones à capsules**”, ainsi qu’un algorithme pour l’entrainer.

2.4.2 Intuition

La première intuition qui a poussé **Goffrey Hinton** à créer ce type de réseaux de neurones était qu’il n’adhère pas à l’opération de pooling effectuée par les réseaux de neurones à convolution. En effet, les CNN ont toujours de meilleurs résultats que tous les modèles qui les ont précédés, et l’opération de Pooling en a contribué à ce succès.

Dans un CNN, le **pooling** est utilisée pour réduire la taille spatiale des données circulant dans le réseau et augmentent donc le ”champ de vision” des neurones des couches supérieures, ce qui leur permet de détecter des caractéristiques d’ordre supérieur dans une plus grande région de l’image d’entrée. Sauf qu’il n’existe aucune relation de position ou de relation entre ces données et que la méthode de pooling produit une perte d’information.

Un exemple simple pour montrer la faiblesse des CNN est la face d’un humain, car il ne tient pas compte l’information de position ou de translation, ainsi ces deux images sont identiques pour lui :

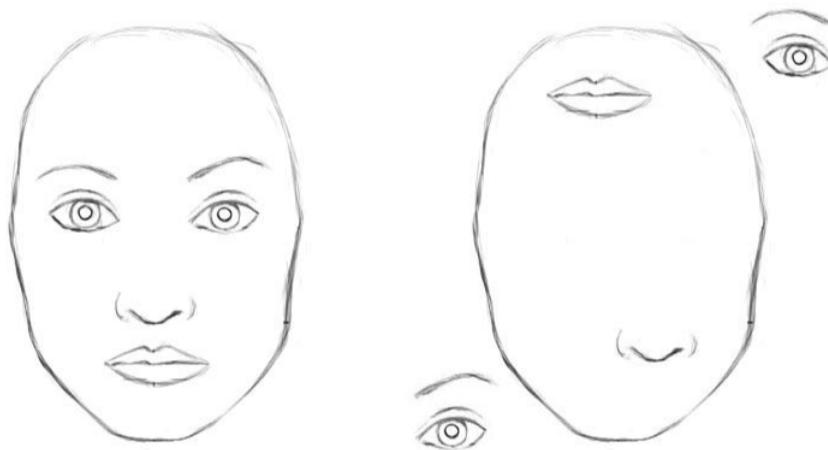


FIGURE 2.3 – Images d'un visage humain [53]

Cela est considérer comme une des principales limites d'un CNN vu que la présence de toutes les caractéristiques d'une face (yeux, nez, oreilles, bouche) sans tenir compte des leurs propriétés spatiales est considérer comme un visage.

2.4.3 Définition d'un réseau de neurones à capsules

Les réseaux à capsules se distinguent des réseaux neuronaux traditionnels sur plusieurs aspects clés. Dans un réseau à capsules, une couche spécifique est composée d'une collection prédéfinie de neurones appelés capsules. Il est essentiel qu'il y ait plusieurs capsules, c'est-à-dire que le nombre de capsules soit inférieur au nombre total de neurones dans la couche. La combinaison des activations des neurones au sein d'une capsule est appelée pose[52].

2.4.4 Définition d'une capsule

Une capsule est la représentation des différents attribut visuelles (position, l'orientation, la taille, etc) d'une entité (objet) ou bien une partie d'elle. Le but de capsules est de retourner en sortie un vecteur d'activation (valeur visuelle). Chaque capsule traite une variable visuelle[33].

2.4.5 Différence entre un neurone et une capsule

Un neurone reçoit des scalaires d'entrée d'autres neurones, puis les multiplie par des poids scalaires et les additionne. Cette somme est ensuite transmise à l'une des nombreuses fonctions d'activation non linéaires possibles, qui prend le scalaire d'entrée et produit un scalaire selon la fonction qui sera la sortie du neurone qui servira d'entrée à d'autres neurones[53].

En substance, le neurone artificiel peut être décrit par 3 étapes :

- a. Pondération scalaire des scalaires d'entrée.
- b. Somme des scalaires d'entrée pondérés.
- c. Application de la non-linéarité scalaire à scalaire.

Nous présenterons dans ce qui suit ces 5 étapes de façon plus détaillée :

a. Multiplication matricielle des vecteurs d'entrée :

Les vecteurs d'entrées proviennent de la couche des capsules inférieures en direction des couches de capsules supérieures, chaque vecteur possède une taille qui représente la probabilité que les capsules inférieures aient détectées les objets correspondants et que leurs orientations détectent l'état interne des objets. Ensuite, ces vecteurs sont multipliés par une matrice des poids qui va coder les caractéristiques importantes de l'objet.

Prenons comme exemple l'image d'un visage, les éléments importants sont : le nez, la bouche, les yeux, les oreilles.

Après la multiplication, on obtiendra la position de l'élément prédit par la capsule de niveau supérieur.

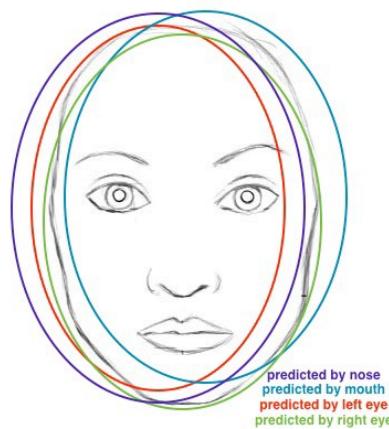


FIGURE 2.4 – Prédiction des positions des éléments d'un visage [53]

b. Pondération scalaire des vecteurs d'entrée :

Cette étape est très familière à celle où un neurone artificiel pondère ses entrées avant de les additionner. Dans le cas du neurone, ces poids sont appris au cours de la rétropropagation, mais dans le cas de la capsule, ils sont déterminés à l'aide du "**routage dynamique**", qui est une nouvelle façon de déterminer où va la sortie de chaque capsule.

c. Somme des vecteurs d'entrée pondérés :

Cette étape ressemble à celle qu'utilise les réseaux de neurones artificiels, nous appliquons une combinaison entre les entrées et les poids de chaque couche.

d. Application de la non-linéarité de vecteur à vecteur :

Une nouvelle innovation que les réseaux de neurones à capsules (CapsNet) ont introduite, c'est une nouvelle fonction pour introduire la non-linéarité (équivalent à une fonction d'activation dans ANN ou CNN). La fonction est appelée "**Squashing**", le but est de redimensionner les sorties de capsules inférieures (qui sont des vecteurs) pour que leurs tailles ne dépassent pas 1 (vu que la taille représente une probabilité) sans changer leurs orientations.

$$\text{squash}(s) = \frac{\|s\|^2}{1 + \|s\|^2} \cdot \frac{s}{\|s\|} \dots (11)$$

où :

s est le vecteur d'entrée qui représente une capsule, $\|s\|$ est la norme Euclidienne de s .

La partie droite : $\frac{s}{\|s\|}$ représente une mise à l'échelle unitaire.

La partie gauche : $\frac{\|s\|^2}{1 + \|s\|^2}$ représente une normalisation de la taille du vecteur.

Le tableau ci-dessous présente un résumé des différences entre une capsule et un neurone :

Capsule vs. Traditional Neuron			
	Input from low-level capsule/neuron	vector(\mathbf{u}_i)	scalar(x_i)
Operation	Affine Transform	$\hat{\mathbf{u}}_{j i} = \mathbf{W}_{ij} \mathbf{u}_i$	—
	Weighting	$\mathbf{s}_j = \sum_i c_{ij} \hat{\mathbf{u}}_{j i}$	$a_j = \sum_i w_i x_i + b$
	Sum		
	Nonlinear Activation	$\mathbf{v}_j = \frac{\ \mathbf{s}_j\ ^2}{1+\ \mathbf{s}_j\ ^2} \frac{\mathbf{s}_j}{\ \mathbf{s}_j\ }$	$h_j = f(a_j)$
	Output	vector(\mathbf{v}_j)	scalar(h_j)

FIGURE 2.5 – Différence entre une capsule et un neurone [53]

Les capsules dans un réseau de neurones capsules sont une évolution des neurones traditionnels. Elles ont la capacité de représenter les informations spatiales et de saisir les relations hiérarchiques des objets présents dans l'image.

Cette caractéristique les rend particulièrement adaptées à la modélisation des relations spatiales et à la reconnaissance d'objets dans des scènes complexes.

2.4.6 Architecture d'un réseau de neurones à capsules

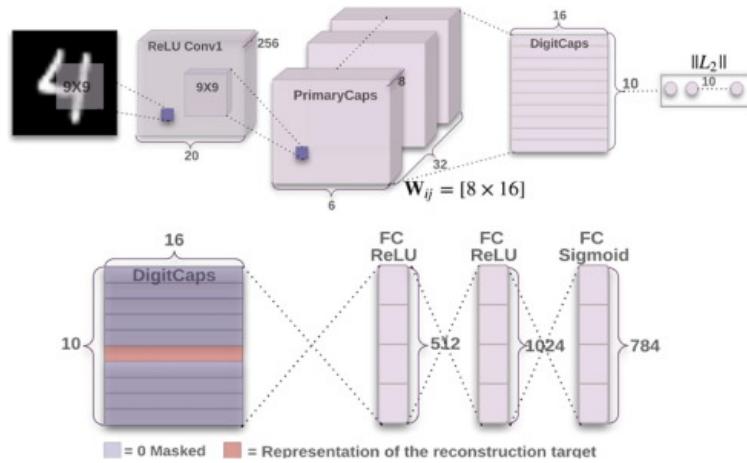


FIGURE 2.6 – Architecture du CapsNet [93]

Dans cette section, nous expliquons l'architecture du réseau :

1. L'entrée : Image d'un digit (elle est de dimension 28*28*1)
2. Les couches de convolution vont appliquer des opération de mise en forme (shaping), de redimensionnement (rescaling), réduction de dimension, pour rendre l'image acceptable par notre réseaux de capsules.
3. Le résultat est envoyé vers les capsules primaires (Primary Caps), une première prédiction est effectuée où chaque capsule primaire retourne une prédiction $u_i, u_i + 2, , u_i + n$.
4. Au niveau de la couche DigitsCap, les prédictions obtenues de la couche primaire sont multipliées par une matrice de coefficients, pour donner de nouvelles prédictions $u_j + 1, u_j + 2, , u_j + 3$. Ensuite, un algorithme de routing est appliqué (équivalent à une rétropropagation dans un CNN). Les sorties sont comparées avec les valeurs réelles.
5. Une fois le routage effectué, le vecteur d'activation de plus grande taille est sélectionné.
6. Ensuite, les erreurs seront calculés.

7. Les vecteurs d'activation seront passés dans un décodeurs qui va retourner un vecteur de prédictions et calcul la perte que nous sommerons à la perte obtenue en 6.

Algorithme du routage :

Procedure 1 Routing algorithm.

```
1: procedure ROUTING( $\hat{u}_{j|i}$ ,  $r$ ,  $l$ )
2:   for all capsule  $i$  in layer  $l$  and capsule  $j$  in layer  $(l + 1)$ :  $b_{ij} \leftarrow 0$ .
3:   for  $r$  iterations do
4:     for all capsule  $i$  in layer  $l$ :  $c_i \leftarrow \text{softmax}(b_i)$             $\triangleright \text{softmax}$  computes Eq. 3
5:     for all capsule  $j$  in layer  $(l + 1)$ :  $s_j \leftarrow \sum_i c_{ij} \hat{u}_{j|i}$ 
6:     for all capsule  $j$  in layer  $(l + 1)$ :  $v_j \leftarrow \text{squash}(s_j)$             $\triangleright \text{squash}$  computes Eq. 1
7:     for all capsule  $i$  in layer  $l$  and capsule  $j$  in layer  $(l + 1)$ :  $b_{ij} \leftarrow b_{ij} + \hat{u}_{j|i} \cdot v_j$ 
return  $v_j$ 
```

Voici la procédure de Routing comme décrite dans l'article :
Explication ligne par ligne :

Pour **la ligne 1** : la procédure prend en entrée toutes les capsules d'un niveau inférieur l et leurs sorties \hat{u} , ainsi que le nombre d'itérations de routage r .

Ligne 2 : Initialisation d'une variable intermédiaire b_{ij} à 0, une fois la procédure terminée, sa valeur sera stockée dans c_{ij} .

Ligne 3 : Une boucle pour répéter les étapes 4-5-6-7 r fois (le nombre d'itérations de routage).

Ligne 4 : Calcul la valeur du vecteur c_i , qui correspond à tous les poids de routage pour une capsule du niveau inférieur i , cela est fait pour toutes les capsules du niveau inférieur. L'application de Softmax garantit que chaque poids c_{ij} est un nombre positif et que leur somme est égale à un.

Ligne 5 : Calcul de la combinaison linéaire des vecteurs d'entrée, pondérée par les coefficients de routage c_{ij} , déterminés lors de l'étape précédente, afin de réduire l'échelle des vecteurs d'entrée et les additionner pour produire le vecteur de sortie s_j .

Ligne 6 : Application d'une fonction d'écrasement (squash) pour avoir la taille du vecteur d'activation entre $[0, 1]$ pour toutes les capsules de niveau supérieur, produisant le vecteur de sortie v_j .

Ligne 7 : Calcul de la nouvelle valeur du poids b_{ij} qui est égale à l'ancienne valeur plus le produit scalaire de la sortie actuelle de la capsule j et de l'entrée de cette capsule provenant d'une capsule du niveau inférieur i.

Après cette étape, l'algorithme recommence à partir de l'étape 3 et répète le processus r fois, et retourne la sortie d'une capsule d'un niveau supérieur v_j .

Exemple intuitif de l'étape de mise à jour des poids :

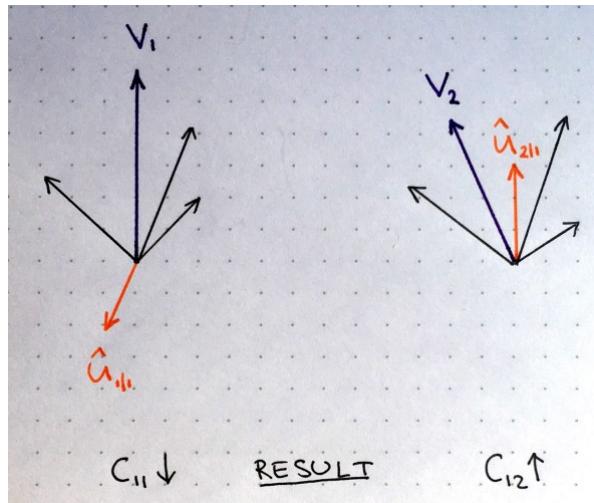


FIGURE 2.7 – Exemple de la phase de mise à jour des poids [53]

Dans l'illustration ci-dessus, supposons qu'il y ait deux capsules de niveau supérieur, dont les sorties sont représentées par les vecteurs violettes v_1 et v_2 , calculés à l'aide de l'algorithme de routage. Le vecteur orange représente l'entrée d'une des capsules de niveau inférieur, tandis que les vecteurs noirs représentent toutes les autres entrées provenant des capsules de niveau inférieur restantes.

Nous constatons que dans la partie gauche, la sortie violette v_1 et l'entrée orange $\hat{u}_{1|1}$ pointent dans des directions opposées. En d'autres termes, ils ne sont pas similaires. Cela signifie que leur produit scalaire sera un nombre négatif. Par conséquent, le coefficient de routage C_{11} diminuera.

Dans la partie droite, la sortie violette v_2 et l'entrée orange $\hat{u}_{2|1}$ pointent dans la même direction, donc ils sont similaires. Par conséquent, le coefficient de routage C_{12} augmentera.

TABLE 2.1 – La différence entre un CNN et un CapsNet

Critère	CNN	CapsNet
Documentation	<ul style="list-style-type: none"> - Architecture décrite dans de nombreux articles scientifiques. - Documentation accessible en open-source. 	<ul style="list-style-type: none"> - Architecture récente, introduite en 2017. - Documentation peu accessible en open-source. - Peu d'articles scientifiques par rapport à cette architecture.
Fiabilité	<ul style="list-style-type: none"> - A fait ses preuves dans plusieurs domaines de l'informatique visuelle. - Résultats toujours satisfaisants que les méthodes traditionnelles de l'IA telles que la régression. 	<ul style="list-style-type: none"> - Malgré le peu de documentation et le peu de travaux réalisés (par rapport au CNN), ces réseaux de neurones ont obtenu des résultats prometteurs, parfois dépassant même les résultats des réseaux de neurones à convolutions.
Performances	<ul style="list-style-type: none"> - L'application des opérations de pooling peut altérer les informations de position d'un objet. - Un CNN prend beaucoup de temps à s'entraîner et il a besoin de beaucoup de données. - L'opération de pooling permet de diminuer le nombre de features à extraire donc moins de temps de calcul, cependant, cela engendre une perte d'information. 	<ul style="list-style-type: none"> - Génère une estimation sur les positions et orientations d'un objet. - Traite les attributs visuels d'un objet. - Un faible temps de calcul car ce ne sont pas toutes les capsules qui sont activées mais seulement celles en accord avec la sortie de la couche inférieure. Cela montre la présence d'une relation hiérarchique. - Obtention de bons résultats avec peu de données. - Peut traiter des objets superposés.

2.5 Théorie des jeux

2.5.1 Définition

La théorie des jeux permet une analyse formelle des problèmes posés par l'interaction stratégique d'un groupe d'agents rationnels poursuivant des buts qui leur sont propres[54].

2.5.2 Les Composants d'un jeu

Un jeu se compose des éléments suivants :

1. Une stratégie :

Un plan d'action complet spécifiant ce que le joueur fera à chaque étape de décision et face à chacune des situations pouvant survenir au cours du jeu[55].

2. Joueur : C'est un agent qui prend des décisions dans un jeu[55].

3. Rationalité :

Les joueurs cherchent à maximiser leurs gains en fonction de l'information dont ils disposent, et cette observation est une connaissance partagée (chaque joueur sait que les autres sont rationnels, qu'ils savent qu'il sait, etc.)[56].

2.5.3 La forme d'un jeu

Un jeu peut avoir deux formes :

- **Forme Extensive :** qui consiste à modéliser un jeu dans lequel les joueurs jouent de manière séquentielle[55].

- **Forme normale :** (appelée aussi Stratégique) qui consiste à modéliser un jeu dans lequel les joueurs jouent une seule fois chacun de manière simultanée ou bien indépendante[55].

2.5.4 Equilibre de Nash

La notion d'équilibre de Nash est une situation telle qu'aucun joueur n'a intérêt à dévier (seul) de la situation obtenue[57].

Un équilibre de Nash est un profil de stratégies :

$$s^* = s^*1, \dots, s^*n \dots \dots (12)$$

tel que pour tout joueur i , et pour toute stratégie $s0 \in Si$:

$$\mu_i(s^*1, s^* - i) \geq \mu_i(s0, s^* - i) \dots \dots (13)$$

Sachant que : S est l'ensemble des stratégies, s^* est la meilleure stratégie obtenue par EN, μ est la fonction d'utilité.

2.5.5 Jeu à somme nulle

Un jeu à somme nulle est un triplet $\Omega = A, B, f$ où :

A : est un ensemble non vide appelé ensemble d'actions (ou de stratégies) du joueur $J1$.

B : est un ensemble non vide d'actions du joueur $J2$.

$f : A \times B \Rightarrow R$ est une fonction bornée qu'on appelle fonction de paiement ou bien d'utilité ou encore de gain. Le joueur $J1$ cherche à maximiser et le joueur $J2$ à minimiser.

La somme des gains et des pertes de tous les joueurs est égale à 0.

TABLE 2.2 – Matrice d'un jeu à somme nulle

Joueur 1 / Joueur 2	Feuille	Pierre	Ciseaux
Feuille	0, 0	-1, 1	1, -1
Pierre	1, -1	0, 0	-1, 1
Ciseaux	-1, 1	1, -1	0, 0

2.6 Conclusion

Dans ce chapitre, nous avons présenté les divers outils que nous prévoyons d'utiliser lors de la conception de notre application de classification des nodules pulmonaires.

Dans le prochain chapitre, nous présenterons en détail notre système, ses composants et les étapes de conception nécessaires pour le réaliser.

3

Conception

3.1 Introduction

Le présent chapitre exposera notre système et les étapes de conception que nous avons suivies, nous y présenterons notre méthode et décrirons en détail les différentes phases impliquées, y compris les prétraitements d'images, l'architecture neuronale choisie, ses fonctions et les modifications que nous y avons apportées.

Nous aborderons également les différentes approches que nous avons développées pour la classification des nodules pulmonaires.

3.2 Présentation de l'approche

Avant de commencer à détailler notre approche proposée, nous rapportons la précision selon laquelle :

Image Vue X : c'est l'image vue selon le plan de vue formé par les deux axes Y et Z.

Image Vue Y : c'est l'image vue selon le plan de vue formé par les deux axes X et Z.

Image Vue Z : c'est l'image vue selon le plan de vue formé par les deux axes X et Y.

C'est le même raisonnement pour les termes Prédition X, Prédition Y, Prédition Z.

Nous présenterons dans ce qui suit un diagramme illustrant notre approche ainsi qu'une brève explication de chaque étape :

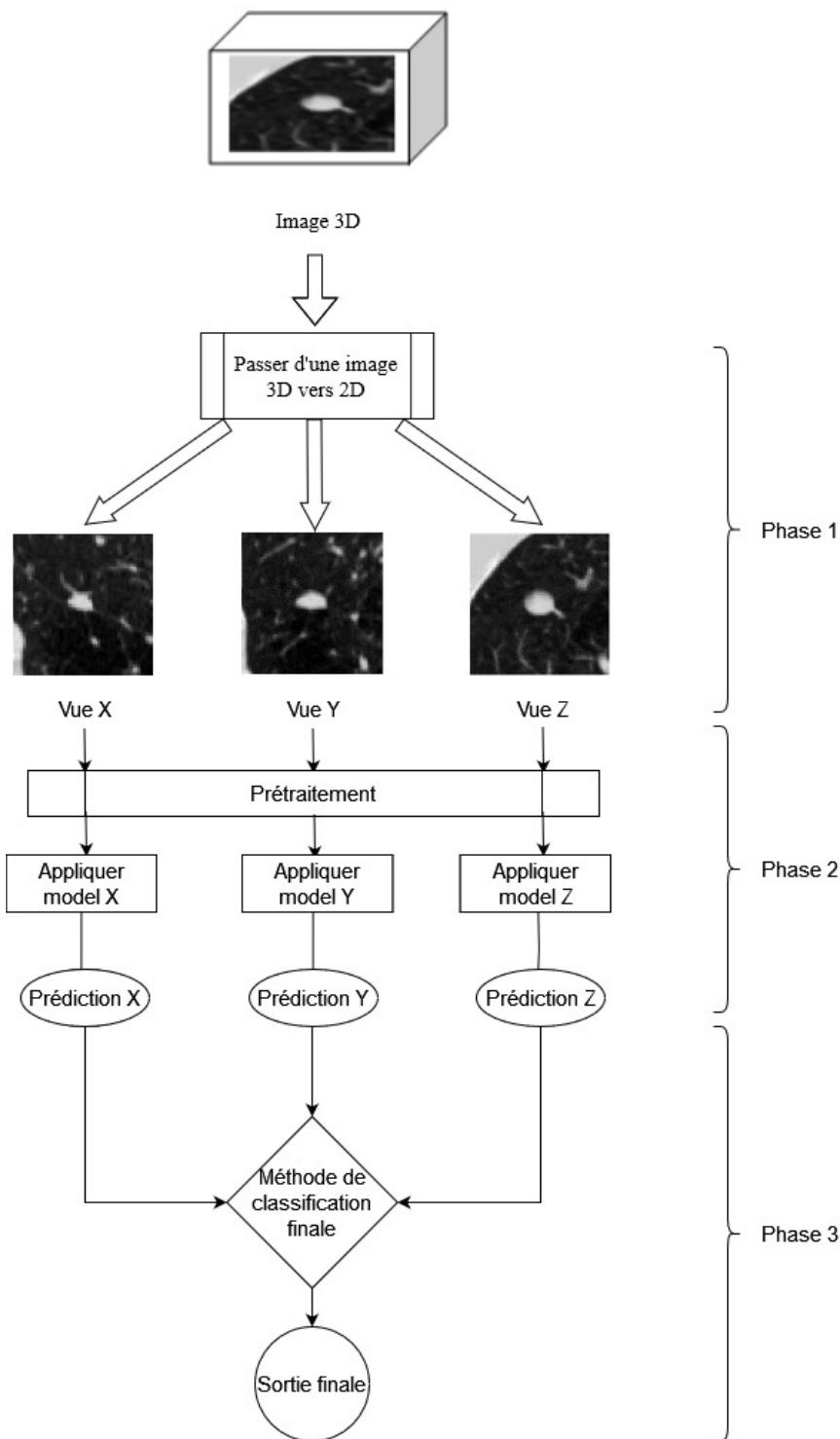


FIGURE 3.1 – Diagramme générale du système

a) Phase 1 :

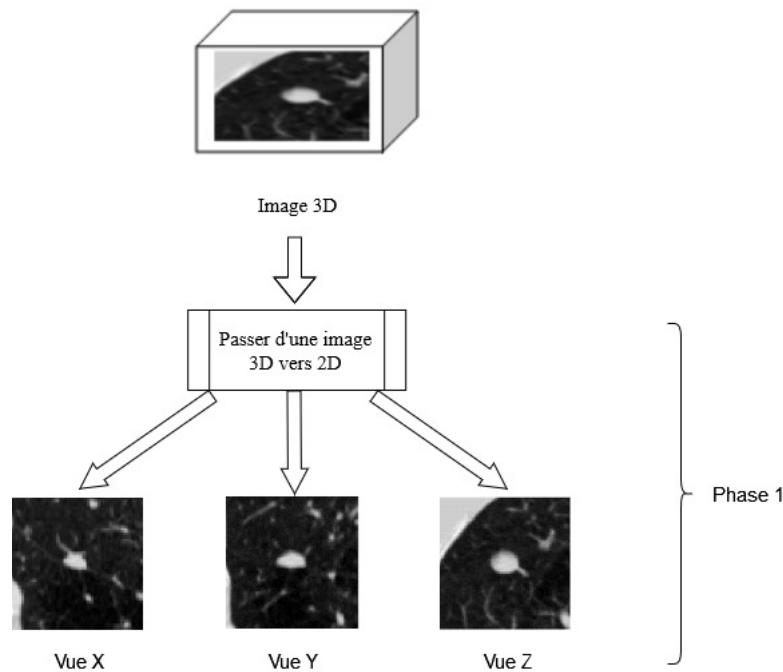


FIGURE 3.2 – La première phase du système

En entrée, le système reçoit une image en 3D ($64 \times 64 \times 64$) d'un nodule pulmonaire préalablement segmenté à partir d'un CT-scan d'un poumon. L'image contient ainsi plusieurs coupes d'un poumon sur plusieurs axes de vue (X, Y, Z) qui incluent un nodule au centre de ce bloc 3D.

Afin de rendre la classification plus efficace, nous avons choisi de prendre que l'information la plus importante, pour cela nous prendrons pour chaque axe de vue, la coupe du milieu.

b) Phase 2 :

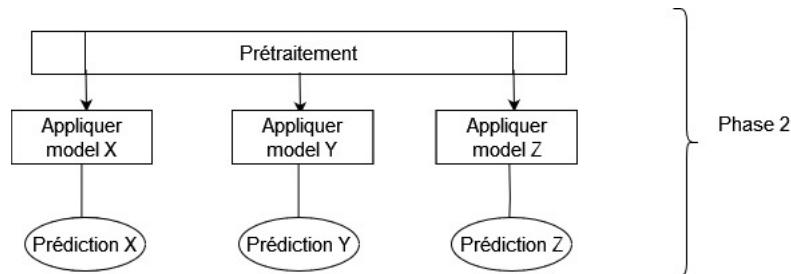


FIGURE 3.3 – La seconde phase du système

De manière générale, la deuxième phase de notre système consistera à appliquer un prétraitement à nos images 2D, suivi de l'application d'un modèle qui générera des prédictions.

Nous expliquerons dans ce qui suit les différentes étapes de cette phase.

- A) **Prétraitement :** Au cours de la phase 2, notre système effectuera une série de prétraitements sur les images 2D obtenues lors de la phase précédente. Nous les décrirons en détail dans la section suivante dédiée au prétraitement des images.

- B) **Génération des prédictions :**

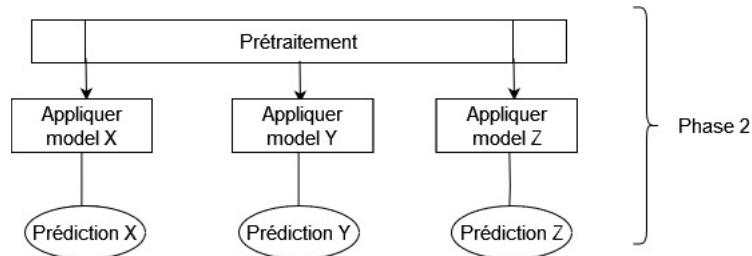


FIGURE 3.4 – La phase de la génération des prédictions

Après avoir effectué les prétraitements nécessaires sur les images 2D, nous faisons appel à un modèle (nous en parlerons plus en détail dans la suite du chapitre) qui va effectuer des prédictions sur les images en les classifiant soit en nodule malin (retourne la classe 1) ou bénin (retourne la classe 0).

c) Phase 3 :

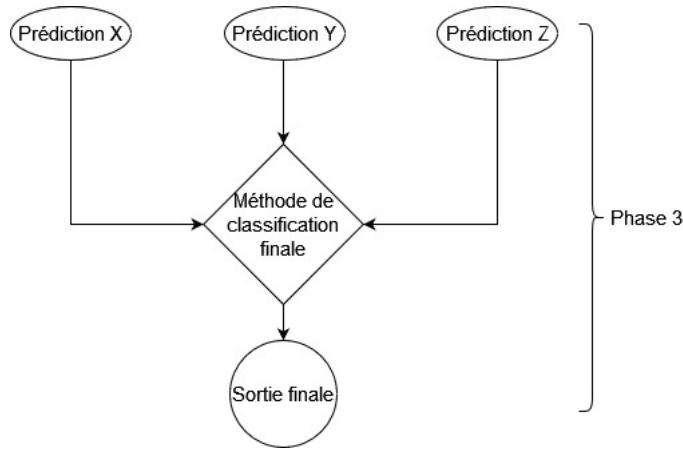


FIGURE 3.5 – La dernière phase du système

La dernière phase du système consistera à obtenir une décision finale pour l'image en entrée (3D) en se basant sur les 3 prédictions émises lors de la phase 2. La décision sera prise grâce à une méthode de classification finale dont nous traiterons dans la partie **classification des nODULES**.

3.3 Prétraitement des images

La phase de prétraitement est une étape cruciale en vision par ordinateur ou en intelligence artificielle, car elle permet de préparer les données avant leur traitement, afin d'améliorer la qualité et d'extraire les informations importantes. Dans notre système, nous avons appliqué plusieurs prétraitements à nos images.

1 Passage d'une image 3D vers images 2D

Comme introduit dans le point précédent, les images en niveaux de gris sont en 3D et de taille (64x64x64). Chaque image 3D représente des coupures (en anglais slices) d'une même partie d'un poumon sur différents axes de vue (Z, X, Y). Sur chaque coupure et pour chaque axe, il se peut qu'un nodule y soit présent ou non. Ce qui peut ralentir la performance du système car il n'est pas nécessaire de traiter une coupure où un nodule n'est pas présent. De ce fait, nous avons opté pour faire des projections, c-à-d prendre que les coupures milieu du bloc 3D sur les 3 axes X,

Y et Z afin d'avoir une image 2D (64×64), car les nodules détectés sont extraits et placés au centre d'un bloc 3D de taille $64 \times 64 \times 64$ pendant la phase de segmentation.

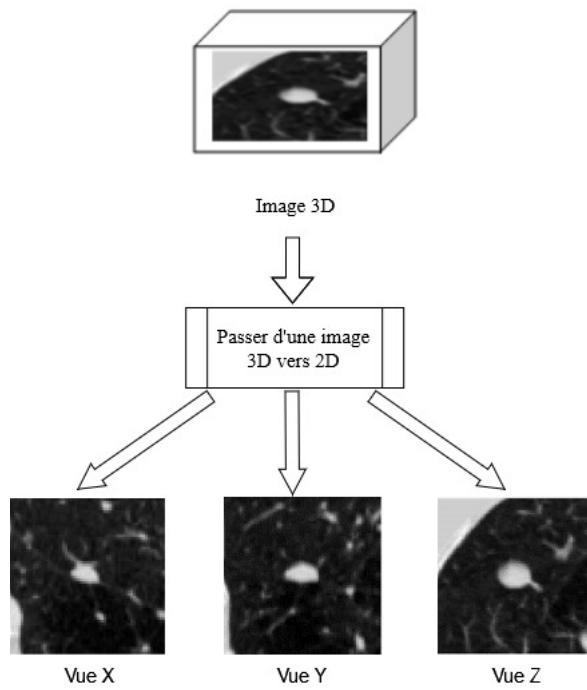


FIGURE 3.6 – Illustration du passage d'un espace 3D vers 2D

Cela nous permet aussi d'avoir 3 différents échantillons pour un nodule donné, ce qui augmentera le nombre d'exemples sur lesquels le modèle que nous allons concevoir aura à s'entraîner.

2 Redimensionnement

Après avoir obtenu les images 2D (64×64), nous allons les redimensionner pour avoir des images de taille (32×32) dans le but d'avoir une meilleure perception possible du nodule, ce qui facilitera l'extraction des caractéristiques importantes par la suite. Pour plus de détails sur le redimensionnement des images, veuillez voir l'annexe.

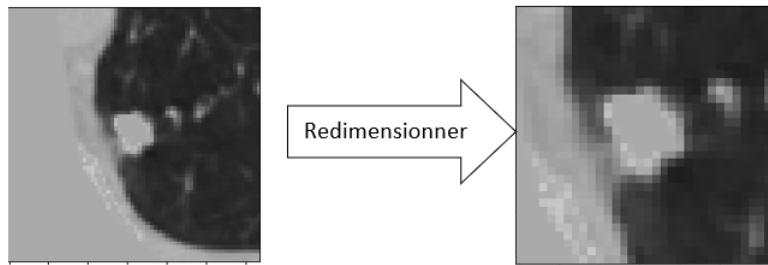


FIGURE 3.7 – Redimensionnement d'une image de 64x64 pixels à une image de 32x32 pixels

3 Filtre gaussien

Le filtre gaussien est un outil communément utilisé en traitement d'images pour réduire le bruit et améliorer la qualité de l'image. En appliquant ce filtre aux images en niveaux de gris des nodules pulmonaires, nous pouvons faciliter l'analyse ultérieure.

Algorithm 1 Application du filtre de Gauss

$ImageFiltrée \leftarrow FiltreGaussien(ImageR)$

return $ImageFiltrée$

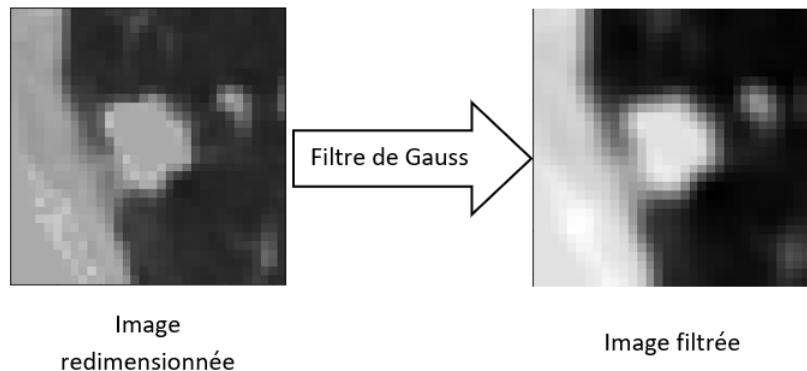


FIGURE 3.8 – Exemple d'application du filtre gaussien sur l'image d'un nodule pulmonaire

4 Normalisation

Nous appliquons une normalisation des pixels de l'image filtrée pour rendre les valeurs entre $[0, 1]$.

Algorithm 2 Normalisation

```
for  $i$  allant de 1 à nombre de lignes de  $Image$  do
    for  $j$  allant de 1 à nombre de colonnes de  $Image$  do
         $NormalizedImage[i, j] \leftarrow Image[i, j]/255$ 
    end for
end for

return  $NormalizedImage$ 
```

La normalisation aide à améliorer l'entraînement des modèles de Deep learning, vu que le modèle peut généraliser mieux avec de petites valeurs.

5 Augmentation de données

L'utilisation de l'augmentation de données permet de générer plus d'images, afin de permettre au modèle de s'entraîner sur une base de données plus large, et de mieux généraliser les caractéristiques qu'il a pu extraire depuis les images lors de son entraînement.

Etapes de l'augmentation de données :

Voici les étapes que nous avons suivis pour l'augmentation de données :

a) Pour chaque image d'un seul axe de vue (X, Y, Z) :

a. A) Appliquer un ensemble de modifications géométriques comme rotation à droite ou à gauche, rotation en haut ou en bas, modification de la clarté de l'image.

a. B) Stocker les images augmentées dans un axe.

Algorithm 3 Augmentation de données

Require: $BDDImage$

$ListeImagesAug \leftarrow \text{vide}$

while $i <= \text{Taille}(BDDImage)$ **do**

$imageRotationHautBas \leftarrow \text{RotationHautBas}(Image[i])$

$\text{Ajouter}(ListeImagesAug, imageRotationHautBas)$

$imageRotationDroiteGauche \leftarrow \text{RotationDroiteGauche}(Image[i])$

$\text{Ajouter}(ListeImagesAug, imageRotationDroiteGauche)$

$imageClartee \leftarrow \text{Clartee}(Image[i])$

$\text{Ajouter}(ListeImagesAug, imageClartee)$

end while

return $ListeImagesAug$

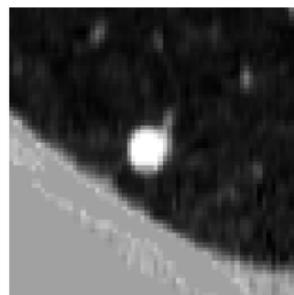
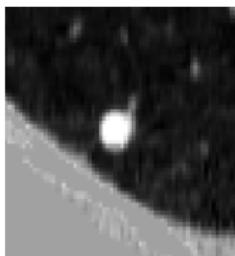
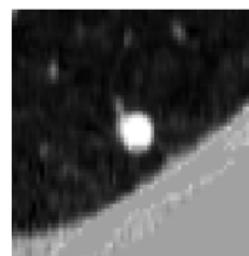


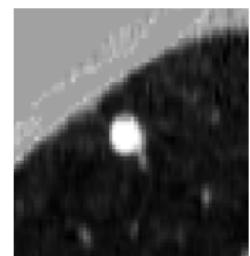
Image originale



Clarté



Rotation à droite



Rotation vers le haut

FIGURE 3.9 – Exemple d’augmentation de données sur une image d’un nodule pulmonaire

3.4 Réseau neuronal à capsules

3.4.1 Architecture

Nous avons opté pour l'utilisation d'un réseau de neurones à capsules (CapsNet) proposé par Geoffrey Hinton en 2011 qui a été ultérieurement amélioré par Sara Sabour et al[33] en 2017.

La raison de choisir un réseau de neurones à capsules (CapsNet) repose sur plusieurs considérations importantes. Les nodules présents dans les poumons peuvent avoir des formes différentes et se trouver à des emplacements spatiaux variés. Par conséquent, il est essentiel de choisir une méthode de traitement qui puisse prendre en compte ces variations.

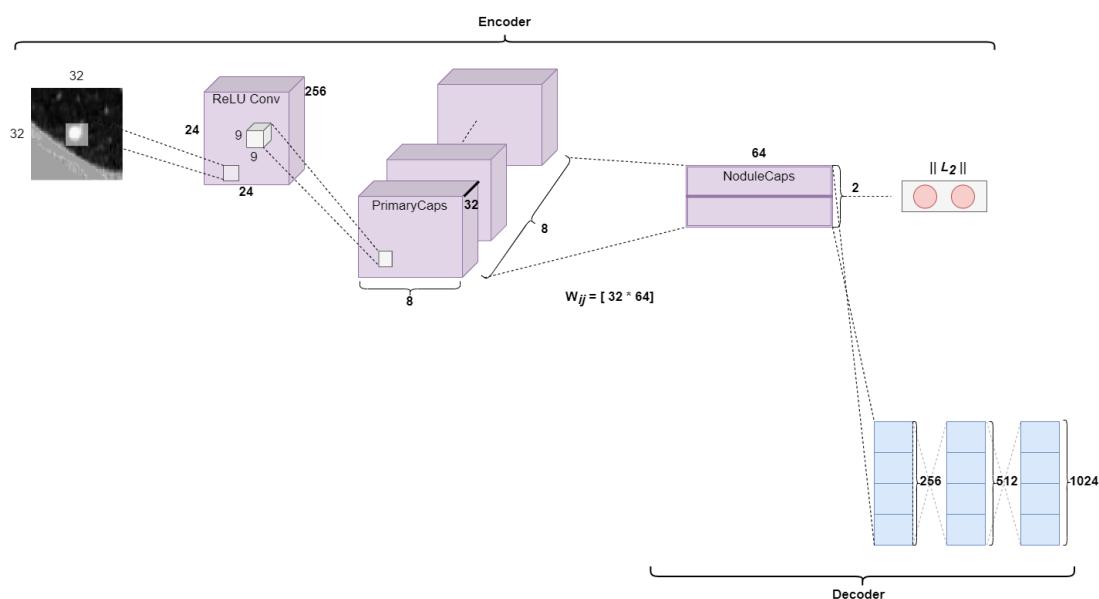


FIGURE 3.10 – Architecture du modèle NodCapsNet

Notre modèle appelé ”**NodCapsNet**” se compose de 2 parties : l’encodeur et le décodeur.

Les 3 premières couches sont l’encodeur, et les 3 suivantes sont le décodeur.

Partie 1 : Encodeur :

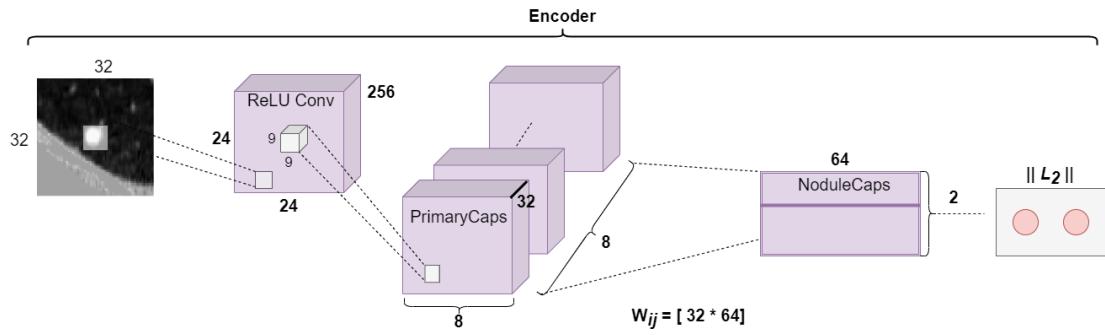


FIGURE 3.11 – **Encodeur du modèle NodCapsNet**

La partie encodeur du réseau prend en entrée une image du nodule de 32 par 32 pixels et apprend à l'encoder en un vecteur de 64 paramètres d'instanciation (comme expliqué dans le chapitre précédent).

La sortie du réseau lors de la prédiction est un vecteur de 2 dimensions correspondant aux longueurs des sorties de NoduleCaps car on a deux classes en sortie.

Le décodeur comporte 3 couches : deux d'entre elles sont convolutionnelles et la dernière est entièrement connectée.

Avant d'explorer en détail les différentes couches de notre modèle, il est essentiel de comprendre la notion fondamentale de "tenseur".

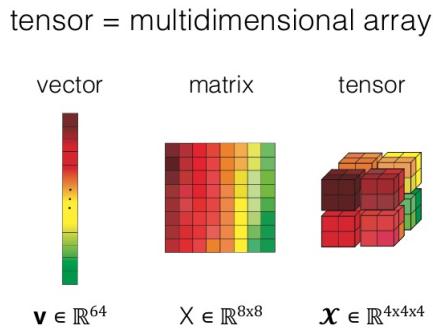


FIGURE 3.12 – **Illustration d'un vecteur, matrice et d'un tenseur [94]**

Un tenseur est un concept fondamental en mathématiques et en physique qui généralise les notions de vecteurs et de matrices. Dans sa forme la plus simple, un tenseur peut être considéré comme un tableau multidimensionnel de nombres.

Un tenseur peut avoir un certain nombre de dimensions, appelé rang du tenseur. Par exemple, un tenseur de rang 0 est un scalaire, un tenseur de rang 1 est un vecteur, un tenseur de rang 2 est une matrice, et ainsi de suite.

Couche 1 : La couche de convolution :

Entrée : Image de 32x32 pixels (un seul canal de couleur).

Sortie : Tensor de dimension 24x24x256.

Nombre de paramètres : 20 992.

Le rôle de la couche de convolution est de détecter les caractéristiques de base dans l'image 2D. Dans notre modèle, la couche de convolution comporte 256 noyaux de taille 9x9x1 et de stride 1, suivie d'une activation Relue.

Pour calculer le nombre de paramètres, il faut également se rappeler que chaque noyau dans une couche de convolution a 1 terme de biais. Ainsi, cette couche a un total de $(9*9 + 1) * 256 = 20\ 992$ paramètres entraînables.

Couche 2 : La couche des capsules primaires :

Entrée : Tensor de dimension 20x20x256.

Sortie : Tensor de dimension 8*8*32*8.

Nombre de paramètres : 5 308 672.

Cette couche a 8 capsules primaires dont le rôle est de prendre les caractéristiques de base détectées par la couche de convolution et de produire des combinaisons de ces caractéristiques.

Chaque capsule applique 32 noyaux de convolution de taille 9x9x256 (avec un stride de 2) au volume d'entrée 24x24x256, ce qui produit un tenseur de sortie de taille 8x8x32. Comme il y a 8 capsules de ce type, le volume de sortie a une forme de 8x8x32x8.

En effectuant un calcul similaire à celui de la couche précédente, nous obtenons un total de 5 308 672 paramètres entraînables dans cette couche.

Couche 3 : La couche NoduleCaps :

Entrée : Tensor de dimension 8*8*32*8.

Sortie : Matrice de dimension 64 * 2.

Nombre de paramètres : 2 099 200.

Cette couche possède 2 capsules propres aux classes du nodule (bénin et malin). Chaque capsule prend en entrée un Tensor de taille 8x8x32x8. On peut le considérer comme étant composé de $8 \times 8 \times 8 = \mathbf{512}$ vecteurs de dimension **32**.

Conformément au fonctionnement interne de la capsule, chacun de ces vecteurs d'entrée possède sa propre matrice de poids 32x64 qui permet de mapper l'espace d'entrée de dimension 32 à l'espace de sortie de dimension 64 de la capsule.

Donc, il y a 512 matrices pour chaque capsule, ainsi que 512 coefficients **c** et 512 coefficients **b** utilisés dans le routage dynamique.

En multipliant : $512 \times 32 \times 64 + 512 + 512$, nous obtenons 1 049 600 paramètres entraînables par capsule, puis nous multiplions par 2 pour obtenir le nombre final de paramètres pour cette couche.

Partie 2 : Décodeur :

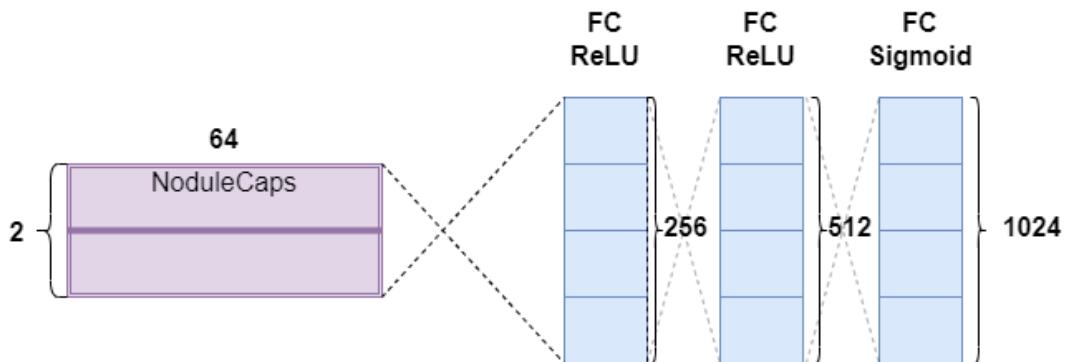


FIGURE 3.13 – Décodeur du modèle NodCapsNet

Le processus de décodage consiste à prendre un vecteur de 64 dimensions provenant de la bonne NoduleCap et apprend à le décoder en une image du nodule (notez qu'il n'utilise que le vecteur correct de NoduleCap pendant l'entraînement et ignore les vecteurs incorrects).

Le décodeur sert également de régulateur : il utilise la sortie de la capsule appropriée pour recréer une image de 32 par 32 pixels, en minimisant la distance euclidienne entre l'image reconstruite et l'image initiale. Cela permet aux capsules d'apprendre des caractéristiques importantes pour la reconstruction de l'image d'origine, et plus l'image reconstruite est proche de l'image initiale, meilleure est la reconstruction.

Des exemples d'images reconstruites peuvent être vus dans l'image ci-dessous.

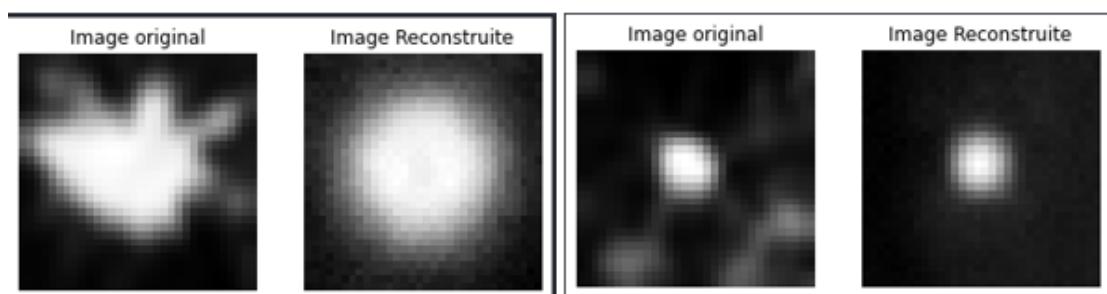


FIGURE 3.14 – Exemple de la reconstruction d'images des nodules pulmonaires

3.4.2 Fonctions

A) Transformation affine :

Calcul du vecteur des prédictions \hat{U} des couches de capsules supérieures à partir des caractéristiques des capsules inférieures.

$$\hat{U}_{j|i} = W_{ij}u_i \dots (14)$$

W_{ij} : La matrice des poids de translation et de rotation

u_i : Le vecteur de sortie d'une capsule i de la couche précédente

B) Somme des poids :

Calcul du vecteur de sortie(activation) de la j ème capsule.

$$s_j = \sum_i c_{ij} * \hat{u}_{j|i} \dots (15)$$

$\hat{u}_{j|i}$: La prédiction de sortie de la capsule " j " étant donné l'activation de la capsule " i "

c_{ij} : Le coefficient qui mesurent la compatibilité (ou la similarité) entre la capsule de classe " j " et une autre capsule " i "

C) Fonction squash :

$$v_j = \frac{\|s_j\|^2}{1 + \|s_j\|^2} \cdot \frac{s_j}{\|s_j\|} \dots (16)$$

v_j : la sortie de la fonction " squash " pour la capsule de classe "j"

s_j : l'activation de la capsule de classe "j", obtenue à partir de la formule précédente

D) Fonction de perte :

$$L_k = T_k * \max(0, m^+ - \|v_k\|)^2 + \lambda(1 - T_k)\max(0, \|v_k\| - m^-)^2 \dots (17)$$

L_k : La perte pour chaque Classe k

T_k : la variable booléenne qui est égale à 1 si l'objet k est présent dans l'image et 0 sinon

v_k : le vecteur de sortie de la capsule pour la classe k

m^+ : la marge supérieure qui doit être dépassée pour que la prédiction soit considérée comme correcte pour les classes présentes

m^- : la marge inférieure qui doit être respectée pour que la prédiction soit considérée comme correcte pour les classes absentes.

λ : constante utilisée pour la stabilité numérique et la régularisation, qui contrôle la force de la pénalité pour les prédictions incorrectes

3.4.3 Integration du filtre de Gabor

Dans un réseau à capsules standard, il n'est pas possible de spécifier explicitement les caractéristiques visuelles extraites par une capsule, telles que la taille, l'épaisseur, l'orientation, etc. Ces caractéristiques sont apprises automatiquement par le réseau à partir des données d'entrée.

C'est pour cette raison que nous avons apporté quelques modifications dans l'architecture, notamment en intégrant l'utilisation du filtre de Gabor, qui est un outil puissant pour extraire des caractéristiques significatives à partir d'images, en particulier en ce qui concerne les contours, les textures et les variations d'intensité.

Nous avons utilisé ces caractéristiques extraites par le filtre de Gabor et les avons incorporées dans le vecteur de prédictions u, qui est ensuite utilisé dans le calcul du vecteur de prédiction des capsules supérieures.

L'intégration du filtre de Gabor dans le réseau de capsules apporte plusieurs avantages. Tout d'abord, cela permet de capturer des informations plus riches et discriminantes à partir des images en utilisant les caractéristiques fournies par le filtre. En incorporant ces caractéristiques dans le vecteur de prédictions u, nous enrichissons la représentation des données et améliorons la capacité du modèle à distinguer les nodules bénins ainsi que les malins.

De plus, l'utilisation du filtre de Gabor permet de prendre en compte les variations d'échelle et d'orientation des motifs dans les images. Les filtres de Gabor étant sensibles à ces variations, notre modèle est en mesure de mieux appréhender les variations spatiales des objets, ce qui renforce sa capacité à généraliser et à reconnaître des motifs similaires dans des images différentes.

En conclusion, l'intégration du filtre de Gabor dans notre réseau neuronal à capsules constitue une approche intéressante pour améliorer la représentation des données et la capacité de reconnaissance des motifs dans les images. En intégrant les caractéristiques dans le vecteur de prédictions u , nous renforçons la capacité du modèle à capturer les variations spatiales et à discriminer différentes classes (bénin et malin).

3.5 Classification des nodules

La classification des nodules passe par deux scénarios :

- **Classification en cas d'accord.**
- **Classification en cas de conflit.**

3.5.1 Classification en cas d'accord

Chaque vue du nodule (respectivement X, Y, Z) sera classifiée par un modèle spécifique pour chaque vue (ModelX, ModelY, ModelZ). Chaque modèle retourne la classe avec la prédiction la plus grande.

Dans le cas où les trois modèles fournissent une prédiction identique pour une image donnée, le système considérera cette prédiction comme étant la classe finale attribuée à cette image.

Dans le cas contraire, se sera alors **une classification par conflit**.

3.5.2 Classification en cas de conflit

Dans le cas où un des modèles prédit une classe différente que celles prédites par les autres. Nous utilisons une des méthodes de classification suivantes :

1 Classification stricte

Dans cette méthode, si la prédiction est la même pour les 3 modèles alors on la retourne. Dans le cas contraire, on retourne 1 (pour la classe malin) afin de rendre notre modèle sévère.

Voici le code algorithmique de cette méthode :

Algorithm 4 Classification Stricte

Require: $ImageX, ImageY, ImageZ, ModelX, ModelY, ModelZ$

```
ImageX ← Preprocessing(ImageX)
ImageY ← Preprocessing(ImageY)
ImageZ ← Preprocessing(ImageZ)
ClasseX = Prediction(ModelX, ImageX)
ClasseY = Prediction(ModelY, ImageY)
ClasseZ = Prediction(ModelZ, ImageZ)
if ClasseX == ClasseY == ClasseZ then
    return ClasseX
else
    return 1
end if
```

2 Classification par majorité

Le processus de classification se basera sur un système de vote à la majorité, c'est-à-dire qu'une classe sera considérée comme prédictive si elle est choisie au moins deux fois parmi les trois modèles. Comme nous disposons de trois modèles et de deux classes, cela signifie qu'au moins deux modèles doivent prédire la même classe pour que cette classe soit sélectionnée.

Voici le pseudocode de cette méthode :

Algorithm 5 Classification par Majorité

Require: $ImageX, ImageY, ImageZ, ModelX, ModelY, ModelZ$

```
 $ImageX \leftarrow Preprocessing(ImageX)$ 
 $ImageY \leftarrow Preprocessing(ImageY)$ 
 $ImageZ \leftarrow Preprocessing(ImageZ)$ 
 $ClasseX = Prediction(ModelX, ImageX)$ 
 $ClasseY = Prediction(ModelY, ImageY)$ 
 $ClasseZ = Prediction(ModelZ, ImageZ)$ 
if  $ClasseX == ClasseY$  then
    return  $ClasseX$ 
else
    if  $ClasseX == ClasseZ$  then
        return  $ClasseX$ 
    if  $ClasseY == ClasseZ$  then
        return  $ClasseY$ 
    end if
end if
end if
```

3 Classification par seuillage

Dans le cas de conflit, la classification se fait par la comparaison de la moyenne des trois prédictions avec un seuil calculé lors de l'entraînement des trois modèles.

Nous avons également expérimenté une autre approche consistant à assigner des coefficients à chaque modèle. Dans cette version, le modèle présentant la meilleure précision se voit attribuer un coefficient plus élevé, ce qui lui confère davantage d'importance dans la combinaison des résultats.

Voici les pseudocodes de ces deux techniques :

Algorithm 6 Classification par Seuil

Require: $Seuil, ImageX, ImageY, ImageZ, ModelX, ModelY, ModelZ$

```
 $ImageX \leftarrow Preprocessing(ImageX)$ 
 $ImageY \leftarrow Preprocessing(ImageY)$ 
 $ImageZ \leftarrow Preprocessing(ImageZ)$ 
 $ClasseX, probaX = PredictionProb(ModelX, ImageX)$ 
 $ClasseY, probaY = PredictionProb(ModelY, ImageY)$ 
 $ClasseZ, probaZ = PredictionProb(ModelZ, ImageZ)$ 
if  $ClasseX == ClasseY == ClasseZ$  then
    return  $ClasseX$ 
else
     $Somme = probaX + probaY + probaZ$ 
     $Moyenne = Somme \div 3$ 
    if  $Moyenne >= Seuil$  then
        return 1
    else
        return 0
    end if
end if
```

Algorithm 7 Classification par Seuil avec coefficient

Require: $Seuil, ImageX, ImageY, ImageZ, ModelX, ModelY, ModelZ$

```
 $ImageX \leftarrow Preprocessing(ImageX)$ 
 $ImageY \leftarrow Preprocessing(ImageY)$ 
 $ImageZ \leftarrow Preprocessing(ImageZ)$ 
 $ClasseX, probaX = PredictionProb(ModelX, ImageX)$ 
 $ClasseY, probaY = PredictionProb(ModelY, ImageY)$ 
 $ClasseZ, probaZ = PredictionProb(ModelZ, ImageZ)$ 
if  $ClasseX == ClasseY == ClasseZ$  then
    return  $ClasseX$ 
else
     $Somme = (probaX * CoeffX) + (probaY * CoeffY) + (probaZ * CoeffZ)$ 
     $Moyenne = Somme \div (CoeffX + CoeffY + CoeffZ)$ 
    if  $Moyenne >= Seuil$  then
        return 1
    else
        return 0
    end if
end if
```

4 Classification en utilisant la théorie des jeux

- **Principe :**

Nous avons développé un jeu impliquant deux joueurs. Dans ce jeu, si les vues (X, Y, Z) d'une même image ont été classées dans la même catégorie prédite, elles seront considérées comme un seul joueur. Le deuxième joueur sera alors constitué de la vue ayant prédit une catégorie différente. Nous confronterons ensuite ces deux joueurs en utilisant différentes stratégies.

- **Images références :**

Nous utilisons des images références sur chaque axe pour calculer la valeur des stratégies de chaque joueur ainsi que pour normaliser leurs résultats. Ces images ont été choisies en utilisant un seuil de 85% de fiabilité durant l'entraînement des modèles.

- **Les joueurs :** Joueur 1 (Bénin), Joueur 2 (malin)

- **Stratégies :**

En plus de l'homogénéité et l'énergie de la matrice de co-occurrence, nous avons aussi calculé :

A) **Distance de Hausdorff :**

La distance de Hausdorff évalue dans quelle mesure chaque point d'un ensemble "modèle" se trouve à proximité d'un point d'un ensemble "image" et vice versa. Ainsi, cette distance peut être utilisée pour déterminer le degré de ressemblance entre deux objets qui sont superposés l'un sur l'autre.[37]

$$H(A, B) = \max(h(A, B), h(B, A)) \dots (18)$$

B) **Rayon spectral : (distance basée sur la norme $\| \|_2$)**

b-1) Définition du rayon spectral

Soit $A \in M_n(R)$ une matrice inversible. On appelle rayon spectral de A la quantité $\rho(A) = \max\{|\lambda|\}; \lambda \in \text{Cl}, \lambda$ valeur propre de A [38]

b-2) on définit la distance entre deux matrices à partir de la norme 2 comme suit :

$$d(A, B) = \rho((A - B)(A - B)^T), A, B \in M_n(R) \dots (19)$$

• **Fonction d'utilité :**

la fonction d'utilité U pour un couple de stratégies est calculée selon la formule suivante :

$$U(S1, S2) = D_{S1i} - D_{S2j} \dots (20)$$

Avec :

$S1i$: la i ème stratégie du joueur 1 (bénin)

$S2j$: la j ème stratégie joueur 2 (malin)

D_{S1i} : mesure de ressemblance entre une image et l'ensemble des images références retournée par la stratégie i du joueur 1

D_{S2j} : mesure de ressemblance et l'ensemble des images références retournée par la stratégie j du joueur 2

• Matrice du jeu :

Le jeu de données qui a une somme nulle présentera deux types de matrices possibles :

- Une matrice de dimension 4*8 : cela se produit lorsque seulement un des trois modèles a prédit que le nodule est bénin, tandis que les deux autres modèles ont prédit le contraire.
- Une matrice de dimension 8*4 : cela se produit lorsque seulement un des trois modèles a prédit que le nodule est malin, tandis que les deux autres modèles ont prédit le contraire.

Exemple :

Cet exemple illustre la matrice du jeu dans le cas où deux modèles ont prédit que le nodule est malin et l'autre modèle a prédit qu'il est bénin.

Par exemple : $VueX \rightarrow 1$ $VueY \rightarrow 0$ $VueZ \rightarrow 1$

Ainsi, la matrice du jeu sera de taille (4 * 8) car pour chaque vue nous avons 4 stratégies.

Il est important de souligner que les valeurs présentes dans la matrice correspondent aux résultats de la fonction d'utilité du jeu.

TABLE 3.1 – Exemple de la matrice du jeu

Joueur	Malin								
		Rho1	Haussdorff1	Énergie1	Homogénéité1	Rho2	Haussdorff2	Énergie2	Homogénéité2
Benin	Rho	(0.16;-0.16)	(-0.1;0.1)	(0.18;-0.18)	(0.03;0.03)	(0.11;-0.11)	(-0.08;0.08)	(0.17;-0.17)	(-0.08;0.08)
	Haussdorff	(0.4;-0.4)	(0.13;-0.13)	(0.42;-0.42)	(0.2;-0.2)	(0.35;-0.35)	(0.14;-0.14)	(0.4;-0.4)	(0.15;-0.15)
	Énergie	(-0.02;0.02)	(-0.2;0.2)	(-0.0001;0.0001)	(-0.2;0.2)	(-0.007;0.007)	(-0.2;0.2)	(-0.009;0.009)	(-0.2;0.2)
	Homogénéité	(0.2;-0.2)	(-0.06;0.06)	(0.2;-0.2)	(0.004;-0.004)	(0.16;-0.16)	(-0.04;0.04)	(0.22;-0.22)	(-0.03;0.03)

- **Valeur finale du jeu :**

Après la construction de la matrice de jeu, la décision sur la classification du module est faite en cherchant l'équilibre en stratégies pures et s'il n'existe pas, on détermine l'équilibre en stratégies mixtes.

En théorie, Un couple de stratégies $(a^*, b^*) \in A * B$ est un point selle si [39] :

$$\forall a \in A, \forall b \in B, g(a, b^*) \leq g(a^*, b^*) \leq g(a^*, b)$$

Interprétation : aucun des deux joueurs n'a de déviation profitable.

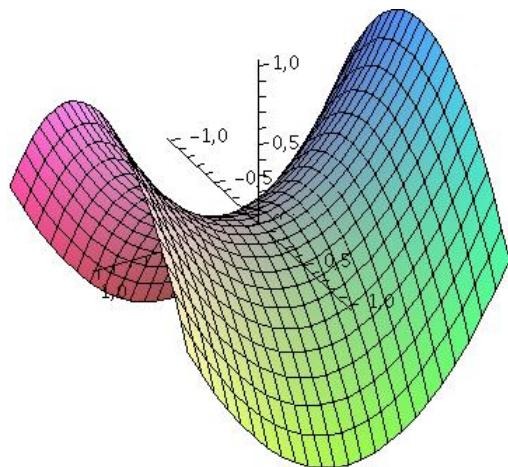


FIGURE 3.15 – **Point selle** [95]

L'algorithme choisi est l'énumération du support [40] qui permet de détecter tous les équilibres possibles du jeu.

Après l'application de l'algorithme d'énumération de support, la décision est déterminée selon la valeur mixte du jeu :

Algorithm 8 Algorithme d'énumération de support

Entrée : Matrice de jeu $(A, B) \in R^{m \times n^2}$

Début :

for $1 \leq k_1 \leq m$ et $1 \leq k_2 \leq n$ **do**

for all paires de support (I, J) de taille (k_1, k_2) **do**

Résoudre les équations (CLP) :

for all $i \in I, j \in J$ **do**

$\sigma_{ri} P_{ij} = v$ pour tout $j \in J$

$A_{ij} \sigma_{cj} = u$ pour tout $i \in I$

end for

Résoudre ces équations pour vérifier les stratégies mixtes :

for $i = 1$ to n **do**

$\sigma_{ri} = 1$ et $\sigma_{ri} P \geq 0$ pour tout $i \in n$

end for

for $j = 1$ to n **do**

$\sigma_{ci} = 1$ et $\sigma_{cj} \geq 0$ pour tout $j \in n$

end for

end for

end for

Fin.

Sortie : Liste de tous les équilibres de Nash

- Si la valeur est négative alors le joueur gagnant est le joueur malin, donc le nodule est classifié comme malin.
- Si la valeur est positive alors le joueur gagnant est le joueur bénin, donc le nodule est classifié comme bénin.
- Enfin, si la valeur est nulle, on classe l'image en utilisant le vote par majorité vu que les trois modèles sont ex aequo, les trois prédictions ont le même taux de certitude ce qui rend possible l'application du vote par majorité.

3.6 Conclusion

Au cours de ce chapitre, nous avons exploré la conception de notre système et de ses divers composants, ainsi que les techniques de classification que nous avons employées.

Dans le prochain chapitre, nous analyserons les résultats obtenus grâce à notre système en utilisant des graphiques appropriés. De plus, nous examinerons en détail l'application que nous avons développée pour la classification des nodules pulmonaires, ainsi que les outils utilisés pour sa réalisation.

4

Implémentation, tests et résultats

4.1 Introduction

Dans le chapitre précédent, nous avons décrit les étapes suivies pour la réalisation de notre système de classification des nodules pulmonaires. Dans ce chapitre, nous présenterons les outils que nous avons utilisés pour implémenter notre solution, ainsi que les résultats obtenus lors des tests et les mesures d'évaluation que nous avons choisies pour évaluer l'efficacité des architectures adoptées.

Tout d'abord, nous détaillerons l'environnement de travail utilisé pour concevoir notre application, ainsi que la base de données exploitée. Ensuite, nous aborderons l'interface graphique que nous avons développée et ses différentes fonctionnalités. Par la suite, nous présenterons les tests que nous avons effectués et discuterons les résultats obtenus en utilisant des métriques significatives dans le domaine.

4.2 Environnement de travail

Dans cette première partie de ce chapitre, nous allons présenter les outils matériels et logiciels utilisés dans la création de notre application.

4.2.1 Environnement matériel

Le prétraitement des images et l'entraînement des modèles d'apprentissage profond pour la classification des nodules pulmonaires ont été effectués en utilisant la machine virtuelle de Kaggle, qui propose des GPUs gratuits en ligne avec une durée limitée d'utilisation par semaine.

De plus, nous avons utilisé nos propres machines pour effectuer les tests des méthodes de classification finales mentionnées dans le chapitre 3.

TABLE 4.1 – Environnement matériel utilisé

PC	SE	CPU	GPU	Mémoire GPU	RAM
Kaggle	Linux	Intel(R) Xeon(R) CPU 2.00GHz	P100	16GO	12GO
Hp	Windows	Intel(R) Core(TM) i7-8565U CPU 1.80GHz 1.99 GHz	Nvidia MX130	2GO	8GO
Lenovo	Windows	Intel(R) Core(TM) i5-5300U CPU 2.30GHz 2.29 GHz	Intel intégrée	/	8GO

4.2.2 Environnement logicielle

Nous avons utilisé les logiciels et les bibliothèques suivants pour créer notre application :

1 Python

Python est un langage de programmation interprété, orienté objet, de haut niveau avec une sémantique dynamique. Ses structures de données intégrées de

haut niveau, combinées à un typage et une liaison dynamique, le rendent très attrayant pour le développement rapide des applications, ainsi que pour une utilisation comme langage de script ou de collage pour connecter des composants existants entre eux. La syntaxe simple et facile à apprendre de Python met l'accent sur la lisibilité et réduit donc le coût de maintenance du programme. Python prend en charge les modules et les packages, ce qui encourage la modularité du programme et la réutilisation du code. L'interpréteur Python et la vaste bibliothèque standard sont disponibles sous forme source ou binaire sans frais pour toutes les principales plates-formes et peuvent être distribués gratuitement[58].



FIGURE 4.1 – Le Logo de Python [58]

2 TensorFlow

TensorFlow est une plate-forme Open Source de bout en bout dédiée au machine learning. Elle propose un écosystème complet et flexible d'outils, de bibliothèques et de ressources communautaires permettant aux chercheurs d'avancer dans le domaine du machine learning, et aux développeurs de créer et de déployer facilement des Applications qui exploitent cette technologie[59].



FIGURE 4.2 – Le Logo de TensorFlow [59]

3 NumPy

NumPy est le package fondamental pour le calcul scientifique en Python. Il s'agit d'une bibliothèque Python qui fournit un objet tableau multidimensionnel, divers objets dérivés (tels que des tableaux et des matrices masqués) et un assortiment de routines pour des opérations rapides sur des tableaux, notamment mathématiques, logiques, manipulation de forme, tri, sélection, E/S , transformées de Fourier discrètes, algèbre linéaire de base, opérations statistiques de base, simulation aléatoire et bien plus encore[60].

Nous avons choisi d'utiliser le module Numpy car la manipulation des vecteurs est plus pratique et sont généralement présente dans tout l'écosystème de data science en Python.



FIGURE 4.3 – Le Logo de Numpy [60]

4 OpenCV

OpenCV (Open Source Computer Vision Library) est une bibliothèque de logiciels open source de vision par ordinateur et d'apprentissage automatique. OpenCV a été conçu pour fournir une infrastructure commune pour les applications de vision par ordinateur et pour accélérer l'utilisation de la perception machine dans les produits commerciaux. Étant un produit sous licence BSD, OpenCV permet aux entreprises d'utiliser et de modifier facilement le code[61].



FIGURE 4.4 – Le Logo de OpenCV [61]

5 NashPy

NashPy est une librairie python pour la théorie des jeux à 2 joueurs. Elle permet la simulation de différents algorithmes et concepts de la théorie des jeux implémenté en langage python[62].

6 SciPy

SciPy (prononcez "Sigh Pie") est un logiciel open source pour les mathématiques, les sciences et l'ingénierie. Il comprend des modules pour les statistiques, l'optimisation, l'intégration, l'algèbre linéaire, les transformées de Fourier, le traitement du signal et des images, les solveurs ODE [63].



FIGURE 4.5 – Le Logo de SciPy [63]

7 Pillow

La bibliothèque Python Imaging ajoute des fonctionnalités de traitement d'image à votre interpréteur Python. Cette bibliothèque offre une prise en charge étendue des formats de fichier, une représentation interne efficace et des capacités de traitement d'image assez puissantes. La bibliothèque d'image principale est conçue pour un accès rapide aux données stockées dans quelques formats de pixel de base. Elle devrait fournir une base solide pour un outil de traitement d'image général[64].



FIGURE 4.6 – Le Logo de Pillow [64]

8 SQLite

SQLite est une bibliothèque en langage C qui implémente un petit moteur de base de données SQL rapide, autonome, hautement fiable et complet. SQLite est le moteur de base de données le plus utilisé au monde. SQLite est intégré à tous les téléphones mobiles et à la plupart des ordinateurs et est fourni avec d'innombrables autres applications que les gens utilisent quotidiennement[65].

9 PyQt

PyQt est l'une des bibliothèques Python les plus populaires pour la liaison avec Qt, un framework C++ multiplateforme[66].

PyQt est un ensemble de liaisons Python pour le framework d'application Qt de The Qt Company, et fonctionne sur toutes les plateformes prises en charge par Qt, y compris Windows, macOS, Linux, iOS et Android. PyQt6 prend en charge Qt v6, PyQt5 prend en charge Qt v5 et PyQt4 prend en charge Qt v4. Les liaisons sont implémentées sous la forme d'un ensemble de modules Python et contiennent plus de 1 000 classes[67].



FIGURE 4.7 – Le Logo de PyQt [67]

10 Visual Studio Code

Visual Studio Code est un éditeur de code source léger mais puissant qui s'exécute sur votre ordinateur de bureau et est disponible pour Windows, macOS et Linux. Il dispose d'une prise en charge intégrée de JavaScript, TypeScript et Node.js, et bénéficie d'un écosystème riche en extensions pour d'autres langages et environnements d'exécution (comme C++, C, Java, Python, PHP, Go, .NET).[69]

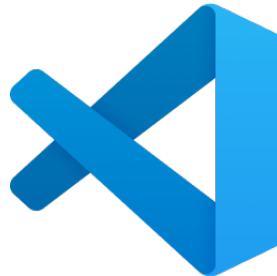


FIGURE 4.8 – Le Logo de Visual Studio Code [69]

4.3 Base de données

La base de données que nous avons utilisée est pour entraîner et tester notre réseau de neurones est la base de données " Data Science Bowl 2017 " abrégée en DSB2017, créée dans le cadre d'une compétition de science des données organisée par Kaggle en collaboration avec Booz Allen Hamilton[70]. Le but de la compétition est de créer un modèle qui va permettre de déterminer si une lésion pulmonaire est cancéreuse ou non.

Le jeu de données contient environ 753 nodules segmentés de taille (64*64*64).

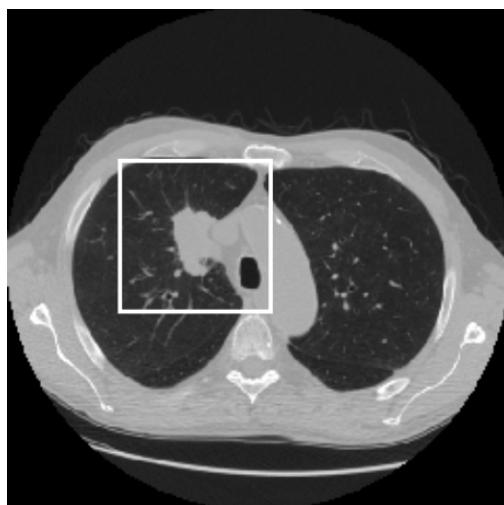


FIGURE 4.9 – Exemple d'un CT-scan de DSB2017 [96]

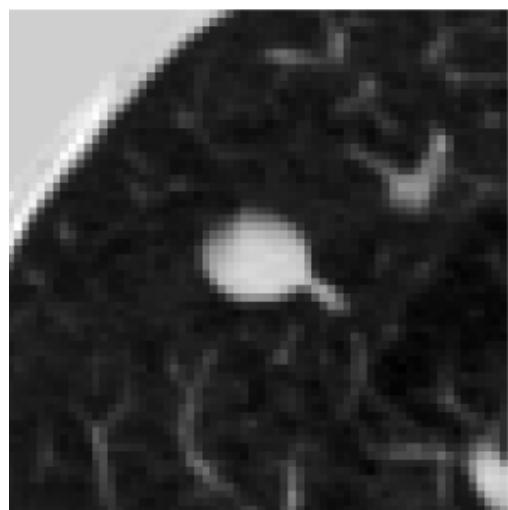


FIGURE 4.10 – Exemple d'un nodule segmenté

4.4 Présentation de l'application

Dans cette partie, nous allons présenter la base de données et les interfaces de notre application et ses différentes fonctionnalités.

4.4.1 Base de données

Nous avons créé une base de données dans le cadre de notre application nommée " **EasyNodule** " pour stocker toutes les informations relatives aux cliniciens utilisant l'application, aux patients et à leurs consultations, ainsi qu'à la classification des

nodules. Cette base de données nous permet d'avoir un enregistrement complet de chaque consultation et de générer des statistiques pertinentes par la suite.

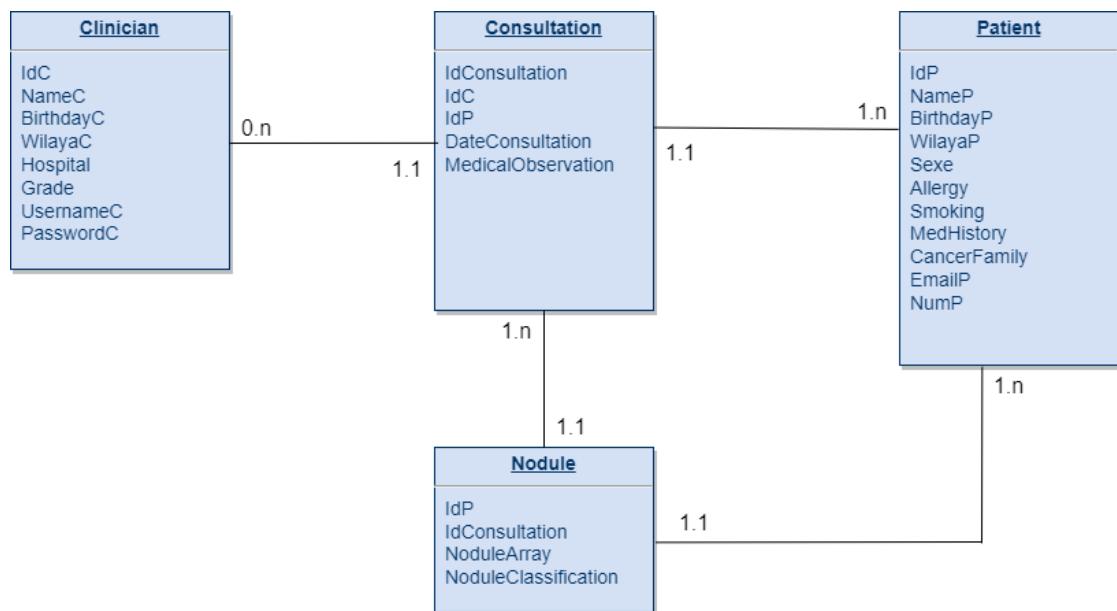


FIGURE 4.11 – Architecture de la base de données de l'application

La base de données comprend les informations suivantes :

Pour les cliniciens : un identifiant unique, un nom, une date de naissance, l'hôpital où ils exercent, leur grade, leur mot de passe et leur identifiant.

Pour les patients : un identifiant unique, un nom, une date de naissance, l'hôpital où ils sont traités, leur sexe, leurs allergies, leur adresse e-mail, leur numéro de téléphone, leurs antécédents médicaux, une indication sur leur statut tabagique (s'ils fument ou non) et une indication sur la présence d'un membre de leur famille ayant eu un cancer.

Pour les consultations : un identifiant unique, le patient consulté, le clinicien effectuant la consultation et son observation, ainsi que la date. Il convient de noter qu'un patient ne peut pas avoir plus d'une consultation avec le même clinicien le même jour.

Pour les nodules : le patient chez qui le nodule a été détecté, l'identifiant de la consultation, le nodule et sa classification.

4.4.2 Fenêtre d'identification (Login)

Lorsque l'utilisateur lance l'application, la première fenêtre qu'il rencontrera est la fenêtre "Log In". Il devra saisir les informations requises dans les champs spécifiés.

Si les informations sont correctes, il sera ensuite redirigé vers la fenêtre d'accueil "Home" que nous allons voir par la suite.

Sinon un message d'erreur va s'afficher.

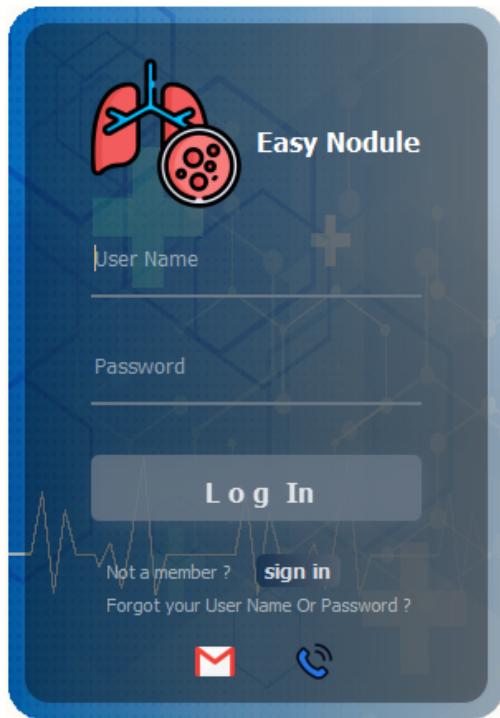


FIGURE 4.12 – Fenêtre d'identification

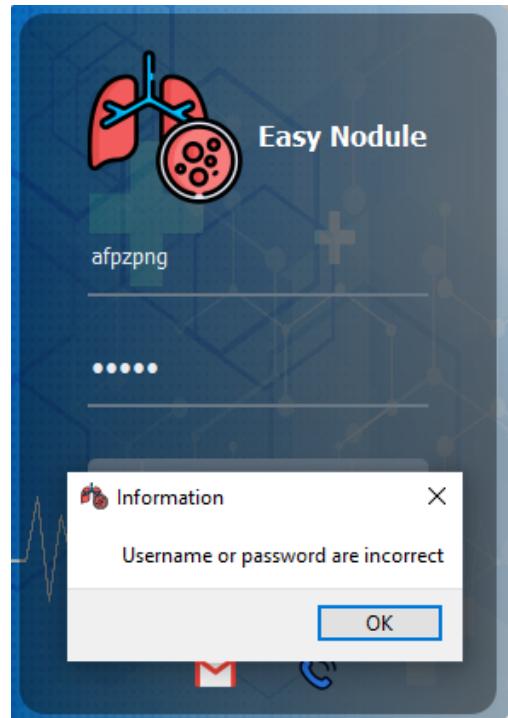


FIGURE 4.13 – Message d'information erronée

En cas d'oubli de mot de passe, l'utilisateur a deux options pour le récupérer : Cliquer sur l'icône Gmail ou utiliser le téléphone.

En choisissant l'une de ces options, l'utilisateur sera redirigé vers une fenêtre web qui affichera les coordonnées de contact nécessaires pour récupérer son mot de passe.



FIGURE 4.14 – Carte de visite de l'application

4.4.3 Fenêtre d'inscription (sign up)

Si l'utilisateur n'est pas encore inscrit dans le système, il a la possibilité de créer un compte en introduisant ses informations personnelles.

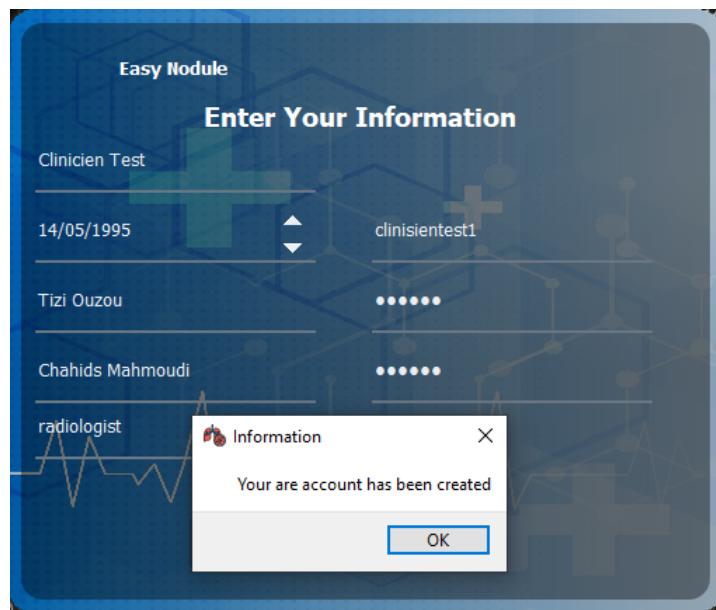


FIGURE 4.15 – Crédation d'un nouveau compte

4.4.4 Fenêtre d'accueil (Home)

Une fois le clinicien connecté, une interface de bienvenue surgit lui présentant le but de l'application.

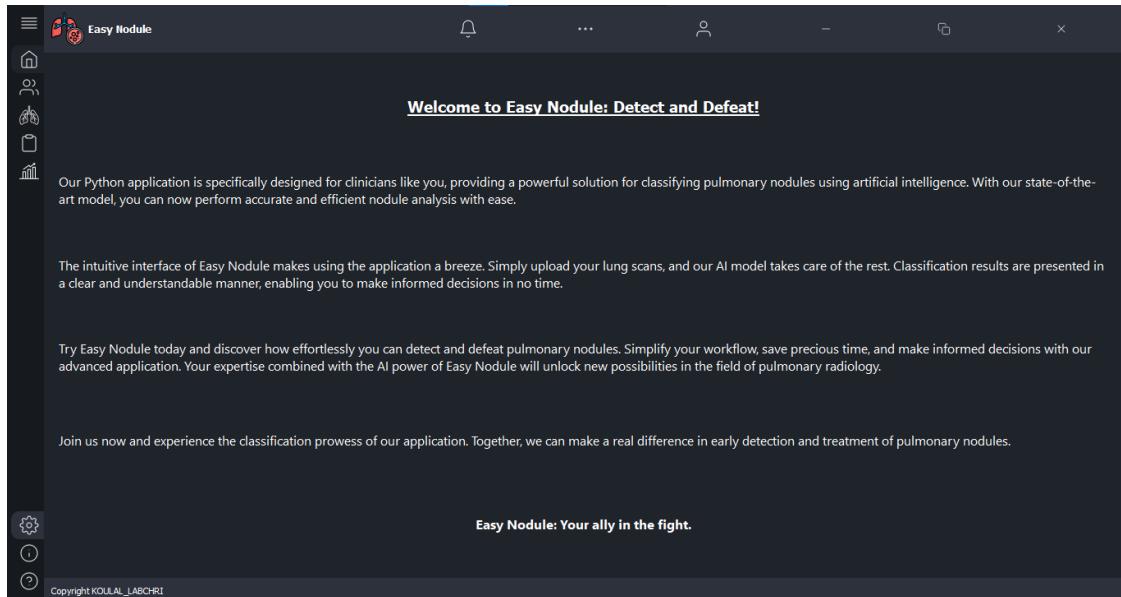


FIGURE 4.16 – Fenêtre d'accueil

Nous allons maintenant expliquer les différents éléments présents dans la fenêtre d'accueil :

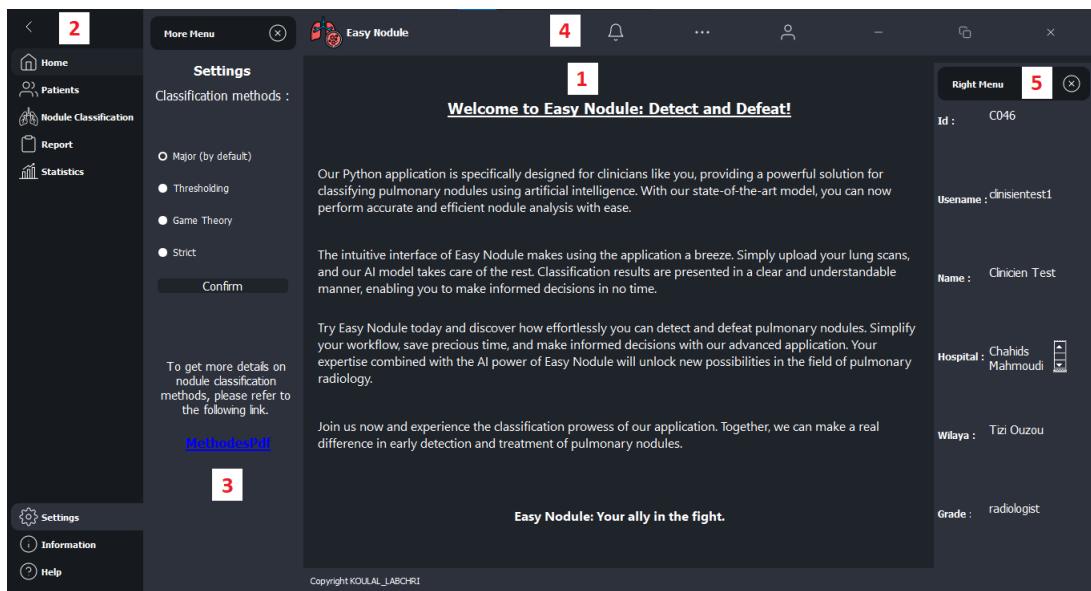


FIGURE 4.17 – Les éléments de la fenêtre d'accueil

1 - Page principale : Elle contient les différentes fonctionnalités de l'application, et c'est là que se situe le contenu principal.

2 - Menu latéral gauche : Permet de basculer le contenu de la fenêtre principale en fonction du bouton cliqué. Nous allons découvrir le contenu et les fonctionnalités de chaque onglet par la suite.

3 - Menu "Plus" : Contient les paramètres et les informations de l'application.

4 - Menu supérieur : Composé de trois boutons (Notification, Plus et Informations du clinicien).

5 - Menu latéral droit : En fonction du bouton cliqué dans le menu supérieur (4), le contenu de ce menu s'affiche.

Le guide de l'application :

Un guide d'utilisation de l'application est disponible pour l'utilisateur en cliquant sur le bouton " **Help** ", et lorsque ce dernier clique sur le lien hypertexte, le guide au format PDF s'affiche dans le navigateur.

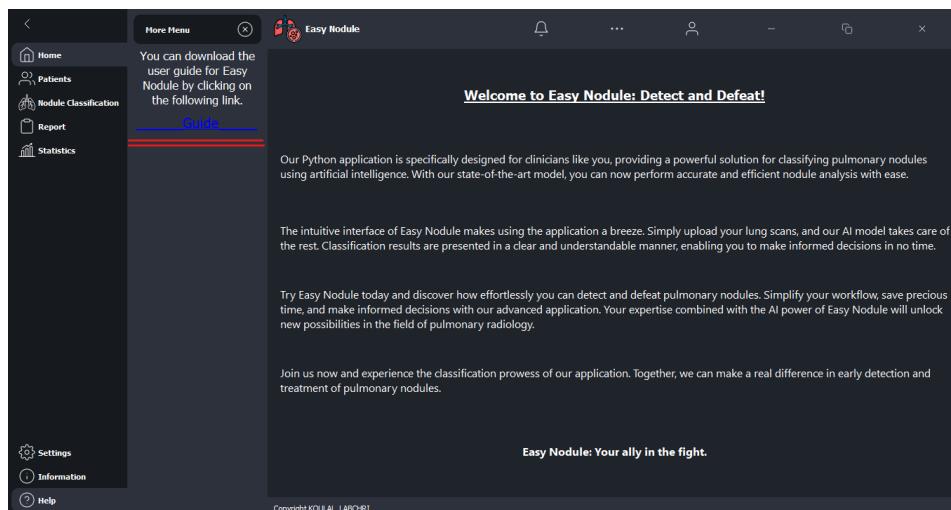


FIGURE 4.18 – Onglet d'aide

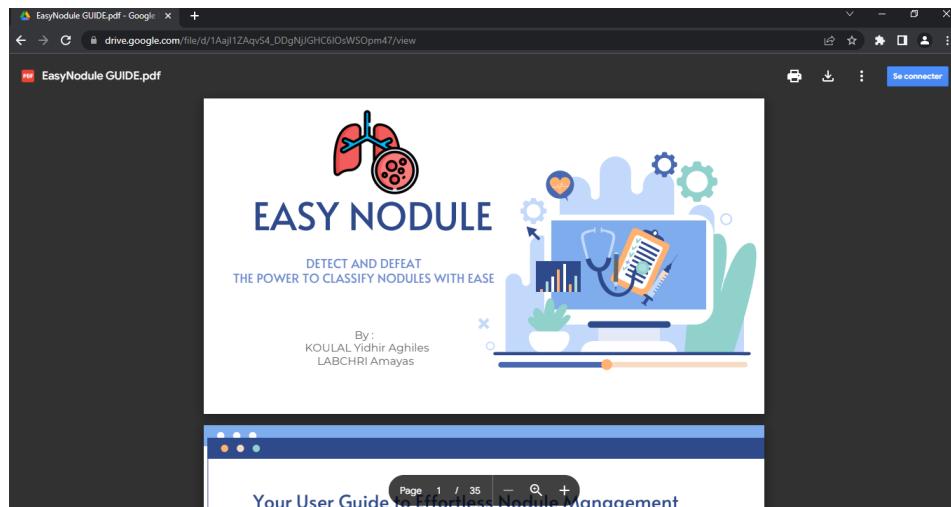


FIGURE 4.19 – Le guide de l'application

4.4.5 Onglet Patient

L'utilisateur a la possibilité de :

- Consulter les patients introduits dans la base de données.
- Rechercher un patient s'il existe, sinon il peut l'introduire dans le système.

Patient ID	Name	Birth	Wilaya	Sex	Allergies	Smoking	Medical history	Cancer Family	Email	Phone
P000	Yasmine Ait ...	1987-02-15	Bejaia	Female	Arachide	0	Hypertension	0	ysamine@exa...	0555123456
P001	Khalil Benamar	1975-08-23	Alger	Male	None	1	Diabète, Asthme	1	khalil@example...	0666123456
P002	Nour El Imane ...	1999-11-29	Tizi Ouzou	Female	Acariens, ...	0	None	0	nour@example...	0555765432
P003	Moussa Djelloul	1960-06-10	Oran	Male	None	0	Cholesterol	1	moussa@example...	0799123456
P004	Fatima Zohra ...	1981-03-07	Annaba	Female	Aspirine	0	None	1	fatima@example...	0567123456
P005	ALI	2000-01-01	Tizi Ouzou	MALE	NONE	0	NONE	0	ALI@GMAIL.C...	0560548998
P006	AHMED	2000-01-01	ALGER	MALE	NONE	1	TUBERCULOSE	0	AHMED@HOT...	0560324879
P007	Yasmine Ait	2000-01-01	Tizi-Ouzou	Female	None	0	None	0	ysasmineait2000...	0560548996

Choose The Patient

FIGURE 4.20 – La liste des patients

Si les coordonnées du patient n'existent pas, un message d'erreur s'affiche. L'utilisateur aura la possibilité d'ajouter le patient dans la base de données.

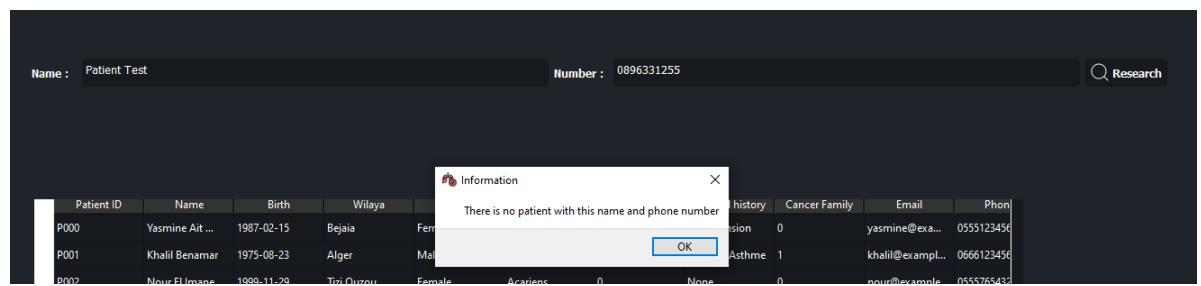


FIGURE 4.21 – Patient introuvable

Name :	patientXXX	
Wilaya :	aLGER	
Birthday:	01/01/2000	
Sexe :	male	
Allergies :	none	
Smoking :	1	Cancer Family : 0
Medical History :	none	
Email :	patientXXX@gmail.com	
Number :	0123456789	
<input checked="" type="checkbox"/> Add Patient		

FIGURE 4.22 – Ajout d'un patient

Une fois le patient ajouté, ses informations seront affichées dans le tableau.

	Patient ID	Name	Birth	Wilaya	Sex
	P020	patientXXX	2000-01-01	aLGER	male

i Information ×

Patient added successfully.

FIGURE 4.23 – Patient ajouté

4.4.6 Onglet Classification des nodules

Avant de procéder à la classification, le clinicien doit sélectionner un patient.

	Patient ID	Name	Birth	Wilaya	Sex	Allergies	X
	P020	patientXXX	2000-01-01	i Information			

i Information ×

The patient named : patientXXX has been selected.

FIGURE 4.24 – Patient sélectionné

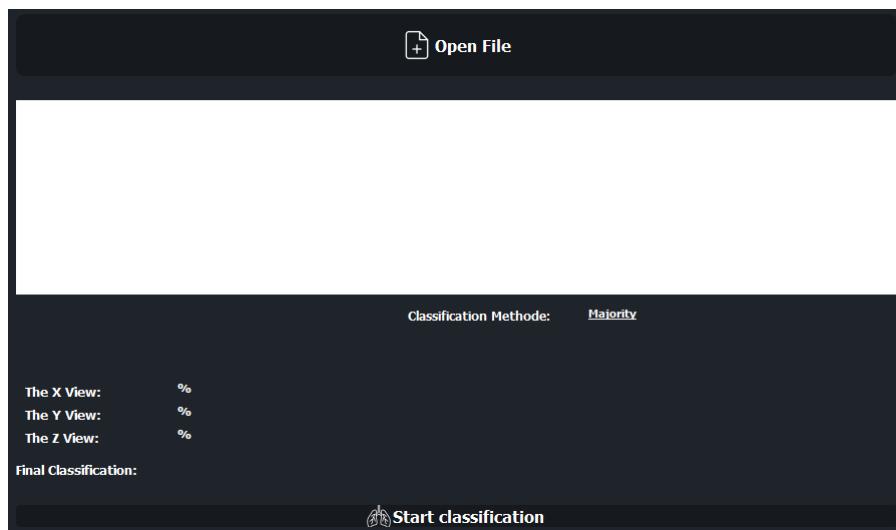


FIGURE 4.25 – Onglet de classification

L'utilisateur appuie sur le bouton " **Open File** " pour choisir le scan à classifier puis lance la classification en appuyant sur " **Start Classification** ".

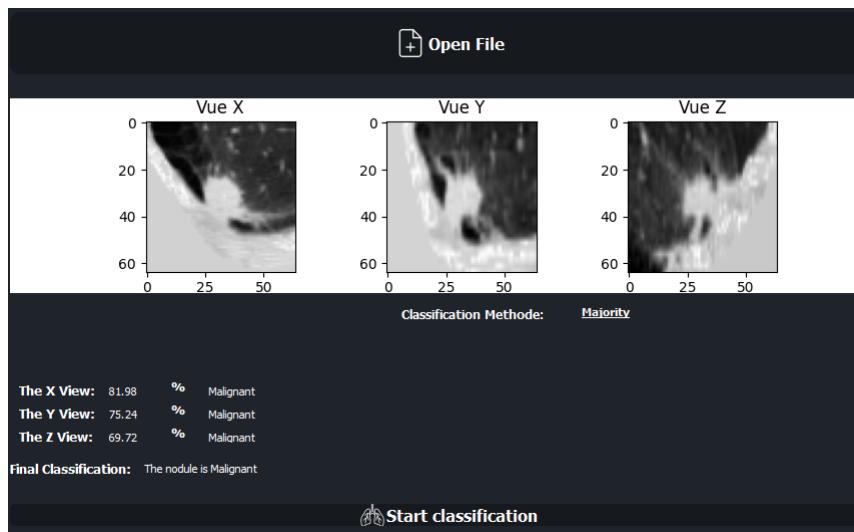


FIGURE 4.26 – La classification d'un nodule

Différentes méthodes de classifications sont proposées au clinicien dans le menu " **Settings** ".

Ces méthodes déjà expliquées dans le chapitre précédent sont accessibles depuis le lien fournit dans un fichier " **MethodesPDF** ".

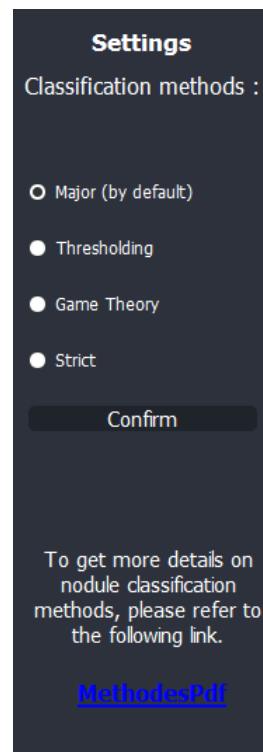


FIGURE 4.27 – Le menu Setting

Une fois le processus de classification terminé, une notification s'affichera accompagnée d'un son pour informer le clinicien.

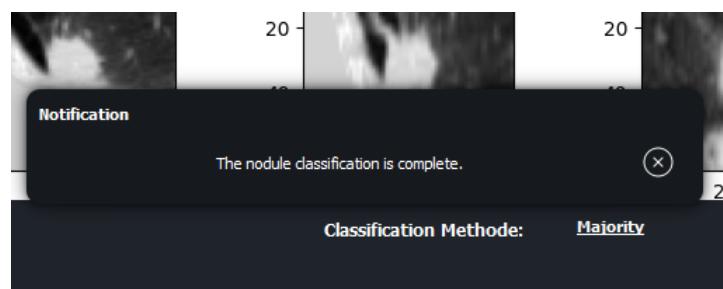


FIGURE 4.28 – La notification de fin de classification

4.4.7 Onglet Rapport (Report)

Après avoir effectué la classification, le clinicien a la possibilité de rédiger un rapport sur le patient. Il peut également donner sa propre classification concernant le nodule en se basant à la fois sur les informations du patient affichées dans l'interface et sur la classification fournie par le modèle.

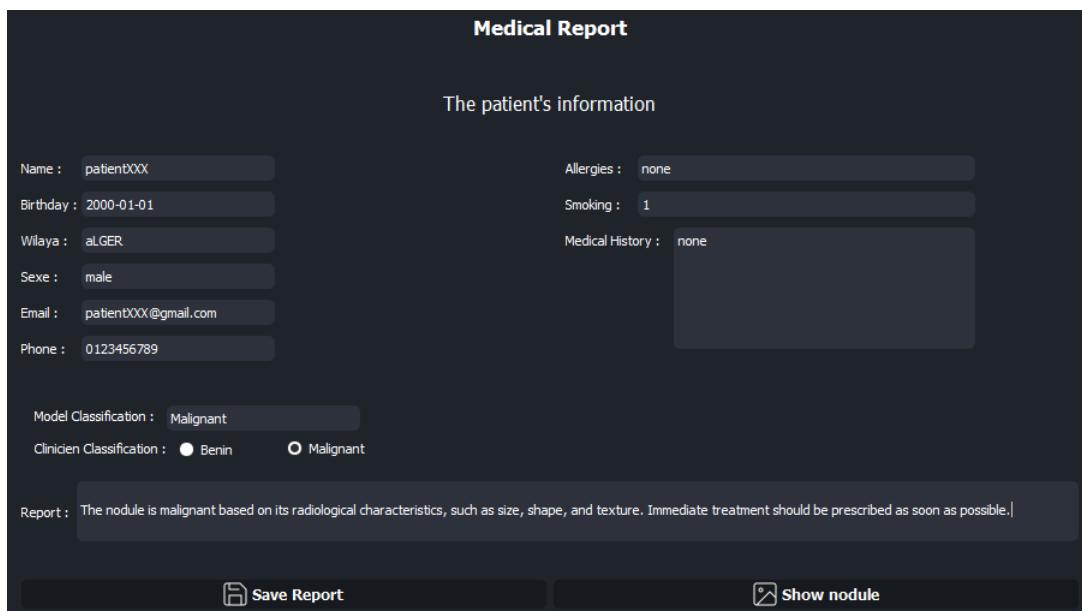


FIGURE 4.29 – Onglet rapport

L'utilisateur peut aussi visualiser le nodule avec le bouton "Show nodule" :

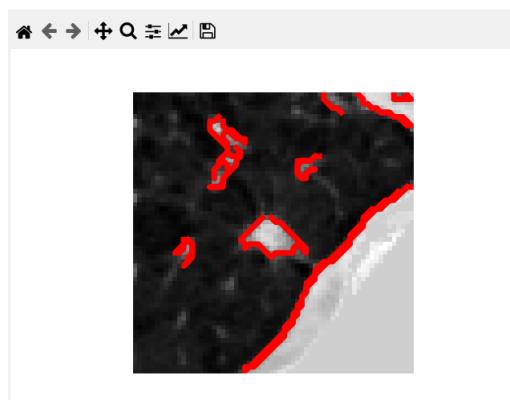


FIGURE 4.30 – La visualisation du nodule

Une fois le rapport terminé, le clinicien appuie sur " **Save report** ", pour créer le rapport sous format PDF.

Easy Nodule
patientXXX P020
Date: **18 Jun, 2023** aLGER
Id Consultation: **CS026** 0123456789
patientXXX@gmail.com

Medical Report

Description	Result
Model classification:	Malignant
Clinician classification:	Malignant
Clinician report:	The nodule is malignant based on its radiological characteristics, such as size, shape, and texture. Immediate treatment should be prescribed as soon as possible.

CLINICIEN INFO

DONE ON

Clinician Name: ClinicianTest
Clinician Id: C048

18 Jun,
2023

Thank you!

easynoduleMaster@gmail.com | 555 444 6666 | easynodule.com

FIGURE 4.31 – Le rapport médical

4.4.8 Onglet Statistiques (Statistics)

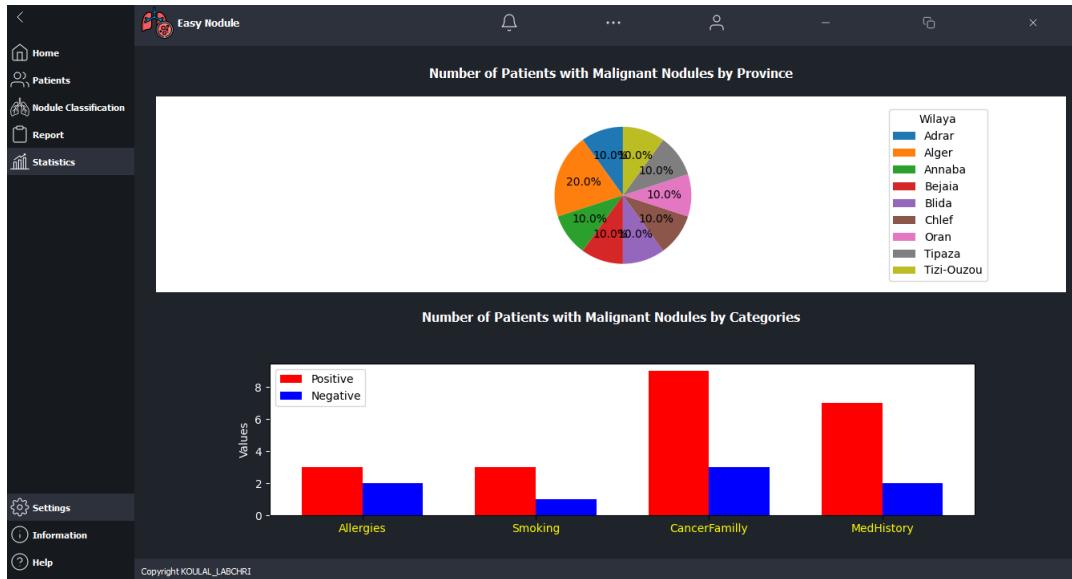


FIGURE 4.32 – Onglet des statistiques

La première visualisation est un graphique circulaire (type camembert) qui permet de voir le nombre de patients ayant des nodules malins par wilaya. Cette visualisation permet de sélectionner les wilayas les plus touchées afin de mener une enquête visant à identifier les causes possibles.

Les facteurs envisageables sont les suivants :

Amiante : une substance fibreuse utilisée dans la construction, l'isolation et d'autres industries.

Radon : un gaz radioactif inodore et invisible qui se forme naturellement dans le sol et peut pénétrer dans les habitations.

Pollution de l'air : l'exposition à des polluants atmosphériques tels que les particules fines, les gaz d'échappement, les produits chimiques industriels ou les émissions des centrales électriques.

La deuxième visualisation est un graphique à barres (Bar Chart) qui met en évidence (en rouge) la présence de facteurs tels que les allergies, le tabagisme, les antécédents familiaux de cancer et les antécédents médicaux chez les patients présentant des nodules malins. Ce graphique permet d'identifier les facteurs contribuants au risque de développer des nodules pulmonaires malins.

4.5 Expérimentation et résultats

Dans cette partie, nous présenterons les différents résultats obtenus lors du test des modèles et les différentes méthodes de classification des nodules pulmonaires. Nous examinerons également les critères d'évaluation utilisés pour obtenir ces résultats. Ensuite, nous illustrerons quelques exemples de classification des nodules.

4.5.1 Expérimentation des modèles CapsNet

Nous présenterons dans cette partie, les différents résultats obtenus lors de la phase d'entraînement de notre modèle CapsNet. Sachant que les paramètres présentés dans ce tableau sont détaillés dans le chapitre précédent (3.4 Réseau neuronal à capsules).

Ce tableau récapitulatif met en évidence les valeurs spécifiques de ces paramètres pour chaque modèle étudié.

TABLE 4.2 – Tableau des résultats du modèle CapsNet

Modèle	Paramètres, Mesures et Résultats											
	Itérations	m_+	m_-	λ	α	Nb_Prim_Caps	T_Prim_Vec	T_Sec_Vec	Routage	Vue	Perte	Précision
CapsNet	50	0.9	0.1	0.5	0.0005	8	8	16	3	X	0.405	47.67%
										Y	0.405	47.94%
										Z	0.40	45.32%
CapsNet V1	50	0.8	0.1	0.9	0.001	8	8	16	5	X	0.729	52.98%
										Y	0.4652	46.87%
										Z	0.729	52.32%
CapsNet V2	50	0.8	0.1	0.9	0.001	16	16	32	5	X	0.729	44.35%
										Y	0.729	45.28%
										Z	0.729	54.71%

Les résultats ci-dessus montre que le modèle CapsNet proposé dans l'article de **Geoffrey Hinton et son équipe**[33] n'est pas très performant dans notre problématique, cela est dû au fait que les nodules pulmonaires ont la même forme qu'il soit malin ou bénin, c'est pour cela que nous avons proposé d'augmenter les caractéristiques visuelles à extraire.

Nous avons décidé d'augmenter la dimension des vecteurs de capsules de 8D à 16D dans le but d'extraire un plus grand nombre de caractéristiques. Cela nous

permettra d'améliorer le facteur de routage dans les modèles CapsNetV1 et CapsNetV2 par rapport au modèle de base.

Nous avons observé une augmentation des performances des modèles, notamment en termes de précision. Chaque vue du modèle dépasse désormais les 50% de précision.

Cependant, malgré ces améliorations, les résultats obtenus ne sont pas encore satisfaisants pour un système critique d'une telle ampleur. Pour aller encore plus loin, nous proposons le modèle NoduleCapsNet. Cette nouvelle version est une amélioration du modèle CapsNetV2, dans laquelle nous ajoutons un filtre de Gabor pour extraire les caractéristiques des convolutions résultantes de la couche primary caps.

Le tableau ci-dessus représente les résultats obtenus en modifiant le nombre de capsules primaires ainsi que la taille des vecteurs de capsules **avec** et **sans** l'application du filtre de Gabor.

TABLE 4.3 – Tableau des résultats du modèle NoduleCapsNet

Modèle	Paramètres, Mesures et Résultats												
	Iter	m_+	m_-	λ	α	Nb_Prim_Caps	T_Prim_Vec	T_Sec_Vec	routage	Gabor	Vue	perte	Precision
NodCapsNet	50	0.8	0.5	0.9	0.001	32	32	64	5	non	X	0.3	44%
										non	Y	0.23	48.1%
										non	Z	0.225	48.33%
NodCapsNet8	100	0.8	0.5	0.9	0.001	8	32	64	5	oui	X	0.0207	93.49%
										oui	Y	0.4652	92.43%
										oui	Z	0.0169	93.49%
NodCapsNet32	50	0.8	0.5	0.9	0.001	32	32	64	5	oui	X	0.0213	94.1%
										oui	Y	0.02	92.56%
										oui	Z	0.017	94.28%

Sans le filtre de Gabor, nous constatons une baisse au niveau de la perte mais un faible taux de précision. Mais nous remarquons que l'ajout de ce filtre a permis d'augmenter le taux de précision du modèle sur les trois angles de vue atteignant au moins les 92%.

Nous constatons aussi que l'augmentation du nombre et la taille des vecteurs des capsules primaires à aider à obtenir de meilleurs résultats avec moins d'itérations ce qui diminue la durée d'entraînement.

Nous avons décidé de sélectionner **NodCapsNet32** comme modèle d'apprentissage profond pour notre application.

4.5.2 Expérimentation des méthodes de classification finale

Dans cette partie, nous expérimenterons les méthodes de classification que nous avons présentées dans le chapitre précédent.

Nous avons utilisé le modèle **NodCapsNet32** avec ces méthodes et voici les résultats obtenus :

TABLE 4.4 – Tableau des résultats des méthodes de classification

Méthode	Accuracy
Majorité	96.67%
Stricte	92.96%
Seuillage	95.08%
Seuillage + coefficient	95.48%
Théorie des jeux	94.55%

1 Interprétation des résultats

- La méthode avec le vote majoritaire est celle avec la meilleure précision, cela est dû au fait que les 3 modèles ont un taux de précision élevé pour l'axe de vue sur lequel ils se sont entraînés, donc ils sont aexequo, alors un vote par majorité est logiquement le meilleur choix.

- En raison du calcul des seuils pendant l'entraînement des trois modèles, le modèle par seuillage a également donné de bons résultats. Cette approche a permis d'obtenir des seuils crédibles pour le calcul de la moyenne des prédictions, ce qui a amélioré la performance globale du modèle.

- En utilisant la méthode de la théorie des jeux, nous avons obtenu des résultats satisfaisants en utilisant des caractéristiques des nodules pulmonaires à partir d'un ensemble d'images de référence préalablement sélectionnées avec un taux de prédiction de 85%. Cependant, il est important de noter que la similarité entre les nodules peut affecter les résultats, car il est possible qu'un nodule bénin ait des caractéristiques similaires à celles d'un nodule malin.

- Pour la méthode stricte, le fait d'obliger les modèles à être en accord n'aide pas à la décision, car un modèle sur une vue peut interpréter de manière différente la classe du nodule.

Après avoir testé nos différentes approches de classification, nous introduisons quelques métriques usuelles pour évaluer la performance des modèles, telles que la précision, le rappel et le score F1. Ces métriques nous permettent de mesurer l'efficacité des méthodes de classification utilisées et de comparer leurs performances.

2 Métriques

Les métriques d'évaluation jouent un rôle crucial dans l'évaluation de la qualité d'un modèle statistique ou d'apprentissage automatique.

Elles permettent d'évaluer objectivement la performance des modèles ou des algorithmes d'apprentissage automatique. L'évaluation des modèles est une étape indispensable dans tout projet, car elle nous permet de mesurer leur précision, leur rappel, leur score F1, et d'autres métriques pertinentes pour évaluer leur efficacité et leur fiabilité[71].

- **Matrice de confusion :**

La matrice de confusion est une mesure très populaire utilisée pour résoudre les problèmes de classification. Elle peut être appliquée à la fois pour la classification binaire et pour les problèmes de classification multi-classes[72].

Actual	Predicted	
	Negative	Positive
Negative	TN	FP
	FN	TP

FIGURE 4.33 – Matrice de confusion

Voici la matrice de confusion pour le modèle de classification avec majorité :

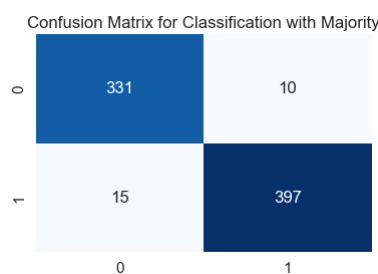


FIGURE 4.34 – Matrice de confusion

- **Spécificité :**

La spécificité est la capacité d'un classificateur à rejeter tous les cas qui doivent être rejetés. Un classificateur parfait rejettéra tous les N réels et ne fournira aucun résultat inattendu. En d'autres termes, il n'aura aucun faux positif. En réalité, tout classificateur sélectionnera certains cas qui doivent être rejetés et aura donc certains faux positifs[73].

$$\text{Spécificité} = \frac{\text{Vrais négatifs}}{\text{Vrais négatifs} + \text{Faux positifs}} \dots (21)$$

- **Précision :**

La précision est une métrique très populaire, elle montre à quel point le modèle est précis pour prédire les valeurs positives. Ainsi, elle mesure l'exactitude d'un résultat positif prédict. Elle est également connue sous le nom de valeur prédictive positive[72].

$$\text{Précision} = \frac{\text{Vrais positifs}}{\text{Vrais positifs} + \text{Faux positifs}} \dots (22)$$

- **Rappel (Sensibilité) :**

Le recall est utile pour mesurer la capacité d'un modèle à prédire des résultats positifs et est également connu sous le nom de sensibilité du modèle. Les deux mesures fournissent des informations précieuses, mais l'objectif est d'améliorer le recall sans affecter la précision[72].

$$\text{Rappel} = \frac{\text{Vrais positifs}}{\text{Vrais positifs} + \text{Faux négatifs}} \dots (23)$$

- **Score-F1 :**

La mesure F, également connue sous le nom de valeur F, utilise à la fois le score de précision et le score de recall d'un classificateur. Elle est couramment utilisée en classification. La mesure F est calculée à l'aide d'une moyenne harmonique pondérée entre la précision et le recall. Elle aide à comprendre le compromis entre la correction et la couverture pour la classification des instances positives[72].

$$\text{Score F1} = 2 \times \frac{\text{Précision} \times \text{Rappel}}{\text{Précision} + \text{Rappel}} \dots (24)$$

3 Résultats des métriques obtenus sur chaque modèle

Le tableau suivant représente les valeurs des métriques obtenus avec l'association du modèle **NodCapsNet** et chaque méthode de classification :

TABLE 4.5 – Résultats des métriques pour chaque méthode de classification

Méthode	Spécificité	Précision	Rappel	F1-score
Majorité	97.06%	97.54%	96.35%	96.94%
Stricte	85.04%	88.93%	99.51%	93.93%
Seuillage	94.13%	95.18%	95.87%	95.52%
Seuillage + coefficient	94.42%	95.43%	96.35%	95.48%
THJ	96.77%	97.20%	92.71%	94.90%

a) Discussion des résultats :

Nous avons comparé les résultats des métriques entre chaque modèle de classification, nous avons remarqué que :

- Le modèle de la classification en utilisant le vote de majorité à obtenu les meilleurs résultats pour la plus part des métriques.
- Le modèle avec la classification stricte a obtenu pour la plus part des métriques, le résultat le plus faible, sauf pour le rappel.
- Les modèles de classification avec l'utilisation du seuillage et de la théorie des jeux ont obtenus de très bon résultats pour la précision avec une petite préférence pour le model de la théorie des jeux vu qu'il utilise les caractéristiques visuelles extraites du nodules en utilisant un ensemble image de référence ce qui le rend capable de classifier les nodules de manière certaine vu qu'il a obtenu la deuxième meilleure précision.

b) Courbe ROC :

La courbe ROC (caractéristique de fonctionnement du récepteur) est utilisée pour évaluer les performances d'un classificateur. Elle est tracée en calculant le taux de faux positifs (FPR) sur l'axe des x par rapport au taux de vrais positifs (TPR) sur l'axe des y. Une plage de seuils de 0 à 1 est définie pour qu'un classificateur effectue la classification. Pour chaque point, le FPR et le TPR sont tracés l'un contre l'autre[72].

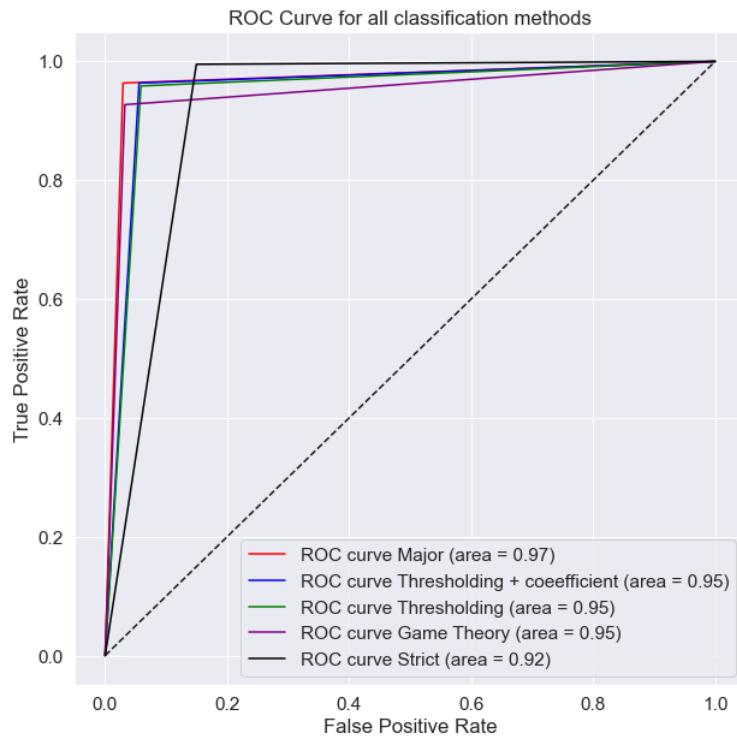


FIGURE 4.35 – Courbe ROC du modèle NodCapsNet

• Discussion des résultats :

- Les résultats obtenus montrent que le modèle de classification avec majorité à le meilleur résultat pour la courbe ROC avec 97%.
- Les modèles THJ et seuillage ont des résultats équivalents 95%.
- Le modèle strict est celui qui a obtenu le résultat le plus faible avec 92%.

c) Résultat final :

Les résultats obtenus précédemment montrent que le modèle de classification avec le vote de majorité est celui qui pérforme le plus et qui arrive à classifier au mieux les nodules pulmonaires, surpassant les autres modèles. C'est pour cette raison que nous avons utilisé cette méthode de classification comme méthode par défaut dans notre application. (Voir Figure 4.27)

4.6 Exemples de classification

Dans cette partie de ce dernier chapitre, nous allons voir quelques exemples de classification des nodules.

4.6.1 Exemple 1

Le premier exemple concerne le nodule numéro 33, ci-dessus les images des différents points de vue de ce dernier.

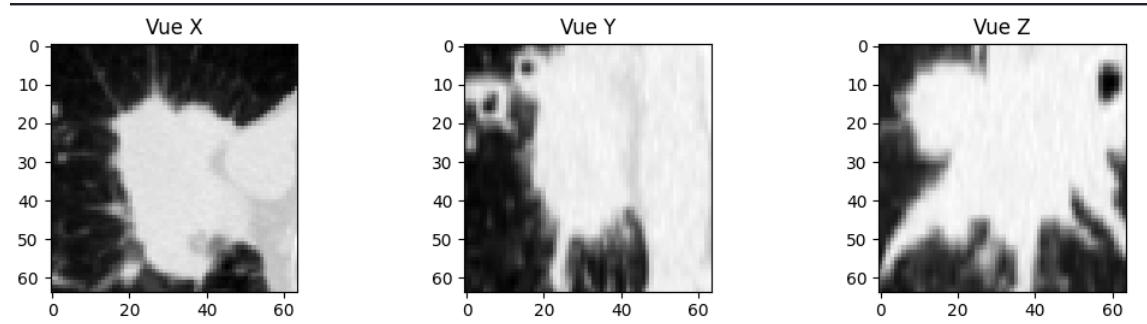


FIGURE 4.36 – Le nodule numéro 33 de DSB 2017

Voici les résultats de classification de nos trois modèles :

TABLE 4.6 – Résultats de classification du nodule 33

Vue	Pourcentage	Classe Prédite
X	90.01%	malin
Y	90.08%	malin
Z	83.01%	malin

la classification finale :

TABLE 4.7 – Résultats de la classification Finale du nodule 33

Méthode	Classe Prédite	Vérité Terrain
Majorité	malin	
Seuillage	malin	malin
Stricte	malin	
Théorie des jeux	malin	

En observant ces résultats, nous constatons que les trois modèles ont prédit la même classe, qui est "malin", avec des pourcentages élevés allant de 83% à 90%, cela renforce la confiance dans la classification du nodule comme étant malin.

4.6.2 Exemple 2

Le deuxième exemple concerne le nodule numéro 611, ci-dessus les images des différents points de vue de ce dernier.

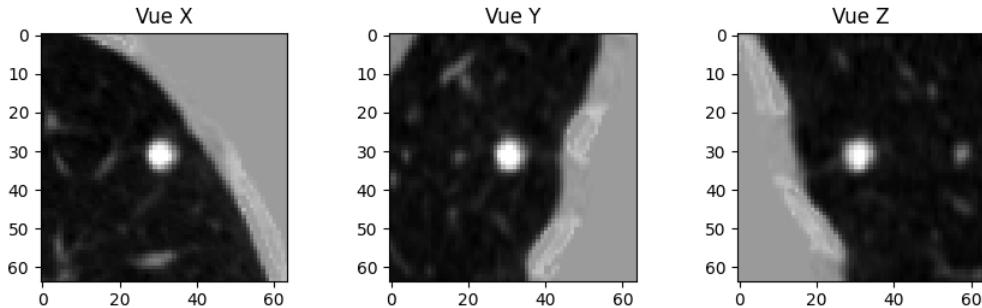


FIGURE 4.37 – Le nodule numéro 611 de DSB 2017

Voici les résultats de classification de nos trois modèles :

Voici les résultats de la classification finale :

TABLE 4.8 – Résultats de classification du nodule 611

Vue	Pourcentage	Classe Prédite
X	75.2%	benin
Y	78.93%	benin
Z	81.38%	benin

TABLE 4.9 – Résultats de la classification Finale du nodule 611

Méthode	Classe Prédite	Vérité Terrain
Majorité	benin	
Seuillage	benin	benin
Stricte	benin	
Théorie des jeux	benin	

Dans le premier tableau, qui présente les résultats de classification individuelle pour chaque vue du nodule, les trois modèles ont prédit la classe "bénin" avec des pourcentages de confiance allant de 75.2% à 81.38%.

Dans le deuxième tableau, qui présente les résultats de la classification finale en utilisant différentes méthodes, toutes les méthodes ont prédit la classe "bénin" pour le nodule 611. La méthode de la majorité, le seuillage, la classification stricte et la

théorie des jeux ont tous abouti à la prédiction "bénin". Cela renforce la confiance dans la classification du nodule comme étant bénin, et facilite la tâche pour le clinicien.

4.6.3 Exemple 3

Le dernier exemple concerne le nodule numéro 4, ci-dessus les images des différents points de vue de ce dernier.

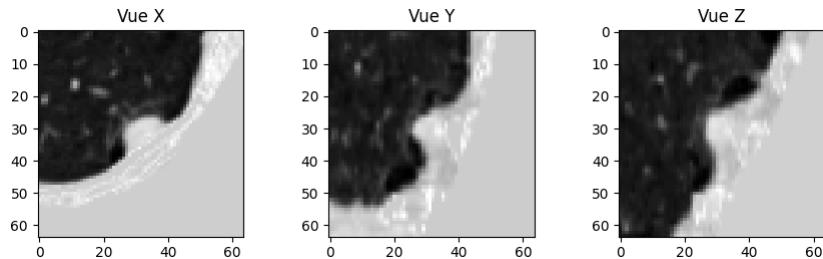


FIGURE 4.38 – Le nodule numéro 4 de DSB 2017

Voici les résultats de classification de nos trois modèles :

TABLE 4.10 – Résultats de classification du nodule 4

Vue	Pourcentage	Classe Prédite
X	71.66%	malin
Y	79.39%	benin
Z	71.84%	benin

Voici les résultats de la classification finale :

TABLE 4.11 – Résultats de la classification Finale du nodule 4

Méthode	Classe Prédite	Vérité Terrain
Majorité	benin	
Seuillage	benin	benin
Stricte	malin	
Théorie des jeux	benin	

Dans le premier tableau, chaque vue du nodule est classifiée individuellement par les trois modèles. La vue X a été prédite comme "malin" avec un pourcentage de 71.66%, tandis que les vues Y et Z ont été prédites comme "bénin" avec des pourcentages de 79.39% et 71.84% respectivement. Ces prédictions divergentes indiquent un certain degré d'incertitude dans la classification du nodule.

Dans le deuxième tableau, qui présente les résultats de la classification finale en utilisant différentes méthodes, nous constatons que la méthode de la majorité et le seuillage ont prédit la classe "bénin" pour le nodule 4. Cependant, la méthode stricte a prédit la classe "malin" car le modèle de la vue X a prédit que ce nodule est malin.

Ci-dessus, les résultats de calcul des caractéristiques du modèle de la théorie des jeux sont présentés.

TABLE 4.12 – Caractéristiques du nodule 4

Vue	Rho	Distance de Haussdorf	Énergie	Homogénéité
X	74.163	0.851	0.092	0.309
Y	103.513	1.165	0.089	0.273
Z	44.526	1.066	0.106	0.364

La matrice de jeu de taille (8 * 4) est construite en se basant sur les valeurs du tableau des caractéristiques précédent et sur les résultats du tableau 4.10, car les deux vues Y et Z ont prédit la classe benin, alors que la vue X a prédit le contraire. La valeur de Nash obtenue s'élève à 0.182, qui est une valeur positive. Ainsi, la classe prédite par le méthode de classification en utilisant la théorie des jeux est la classe "benin", cette prédiction est cohérente avec les prédictions majoritaires des vues Y et Z, malgré la prédiction divergente de la vue X.

4.7 Conclusion

Tout au long de ce chapitre, nous avons défini l'environnement de travail dans lequel nous avons conçu notre application de bureau (Desktop application) nommée "**EasyNodule**", ainsi que les différentes fonctionnalités de cette dernière à travers des captures d'écran.

Nous avons ensuite discuté les résultats des différents modèles, mettant en évidence l'amélioration de la précision grâce à l'intégration du **filtre de Gabor**.

Après l'évaluation de notre système à travers plusieurs critères de mesure, tels que le rappel, la précision, le score-F1 et les courbes ROC. Nous avons comparé nos résultats de ces méthodes de classification, ce qui nous a permis de conclure que le modèle de la classification avec le vote majoritaire a atteint une très bonne performance dans la classification des nodules pulmonaires.

Toutefois, il est important de souligner que l'utilisation de la théorie des jeux pour la classification est une approche intéressante, mais le défi réside dans l'identification des caractéristiques les plus pertinentes pour distinguer les nodules bénins des nodules malins.

Conclusion générale

Dans ce mémoire, nous avons abordé le problème de la classification des nodules pulmonaires en utilisant les techniques d'intelligence artificielle.

L'objectif principal était de fournir aux médecins les outils nécessaires pour diagnostiquer le cancer à un stade précoce et prescrire un traitement adapté.

Nous avons commencé par collecter les données nécessaires pour entraîner notre modèle de réseaux de neurones à capsules. Plusieurs prétraitements ont été appliqués aux images collectées afin de permettre à notre modèle, NoduleCapsNet, d'extraire les caractéristiques visuelles essentielles à la prise de décision.

Malgré le manque de données disponibles, les résultats obtenus sont très satisfaisants.

Nous avons également développé une interface graphique moderne et fonctionnelle qui facilite l'interaction avec le système.

Les objectifs que nous nous sommes fixés au début de ce projet ont été atteints. Cependant, il est évident qu'il existe des possibilités d'amélioration pour rendre le système encore plus performant. Nous proposons donc les perspectives suivantes :

Du côté du modèle :

- Entraîner et tester le modèle sur une plus grande base de données, en acquérant des données cliniques provenant de différents centres hospitaliers du pays, annotées par différents spécialistes et segmentées. Cela permettra d'améliorer davantage la classification.
- Élaborer un modèle de segmentation afin d'obtenir un système complet de détection des nodules pulmonaires.
- Améliorer le modèle de la théorie des jeux en utilisant une carte de caractéristiques obtenues à partir d'un CNN.
- Utiliser des paramètres liés à l'environnement du patient pour améliorer la prédiction du cancer des poumons.

Du côté de l'application :

- Ajouter un réseau de partage national des données entre cliniciens, permettant de rester informé des évolutions des patients et d'analyser les statistiques nationales du cancer des poumons.
- Intégrer un modèle de segmentation pour créer une application complète permettant la détection et la classification des nodules pulmonaires à partir des CT-scans.

A

Techniques de traitement d'images

Dans la première section de cette annexe, nous aborderons différentes techniques de prétraitement d'images, notamment le redimensionnement, la normalisation et le filtrage.

A.1 Prétraitement d'images

Le prétraitement des images est une étape cruciale dans le traitement des images numériques. Son objectif est d'améliorer la qualité de l'image, de faciliter l'extraction des informations pertinentes et de simplifier l'analyse ultérieure.

Cette phase est importante pour obtenir des résultats précis et fiables dans de nombreux domaines, notamment la reconnaissance de caractères, la détection d'objets ainsi que l'imagerie médicale.

Il est important de noter que la qualité de l'image d'entrée affecte directement la qualité des résultats de l'analyse et du traitement de celle-ci.

A.1.1 Redimensionnement

Le redimensionnement d'image est une technique couramment utilisée dans le prétraitement d'image, qui consiste à modifier la taille de l'image tout en conservant son aspect ratio qui désigne la relation proportionnelle entre la longueur et la hauteur d'une image[97]. Cette technique est souvent utilisée pour réduire la taille d'une image afin de faciliter son traitement et son stockage, ou pour augmenter sa taille pour une meilleure visualisation.



FIGURE A.1 – Exemple expliquant le ratio [98]

A) Réduction d'une Image

La réduction d'une image implique la diminution de sa résolution. Plus précisément, si nous diminuons la taille de l'image d'un facteur n en hauteur et en largeur, chaque pixel de l'image réduite représente un bloc de $n \times n$ pixels de l'image originale.



FIGURE A.2 – Exemple de redimensionnement d'image [99]

La Méthode de réduction la plus commune : [99]

- 1- Découpage de l'image originelle en blocs de $n \times n$ pixels.
- 2- Calcul de la moyenne des intensités sur chaque bloc.
- 3- L'intensité moyenne d'un bloc est l'intensité du pixel correspondant au bloc dans l'image réduite.

B) Agrandissement d'une Image

L'agrandissement d'une image implique l'augmentation de sa résolution. Plus précisément, si nous agrandissons la taille de l'image d'un facteur n en hauteur et en largeur, chaque pixel est n fois plus grand.

Interpolation

L'interpolation est une technique utilisée pour agrandir une image en augmentant sa résolution. Elle consiste à calculer de nouveaux pixels à partir des pixels d'origine en utilisant des algorithmes qui estiment la valeur de chaque pixel manquant en fonction de ses voisins.

(a) Interpolation au plus proche voisin :

La méthode d'interpolation la plus simple est appelée la méthode du plus proche voisin. Elle consiste à remplacer chaque pixel par un bloc de $n \times n$ pixels identiques.

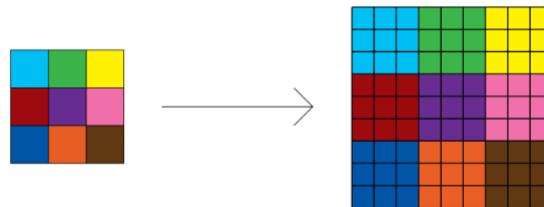


FIGURE A.3 – Exemple d'agrandissement de facteur 3 [100]

Bien que cette méthode soit simple, elle peut souvent engendrer un défaut connu sous le nom d'effet d'escalier au niveau des contours de l'image.

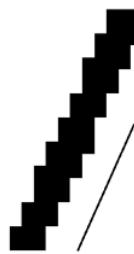


FIGURE A.4 – Exemple d’effet d’escalier [101]

(b) **Interpolation bilinéaire :**

L’interpolation bilinéaire est une méthode de traitement d’image couramment utilisée pour agrandir une image. Elle consiste à calculer la moyenne d’intensité des pixels voisins de l’image originale pour générer les nouveaux pixels dans l’image agrandie. Plus précisément, cette méthode utilise les intensités des deux ou quatre pixels les plus proches pour calculer la valeur de chaque nouveau pixel agrandi. Cela permet de générer une image agrandie qui conserve un niveau de détail raisonnable tout en préservant une certaine fluidité.

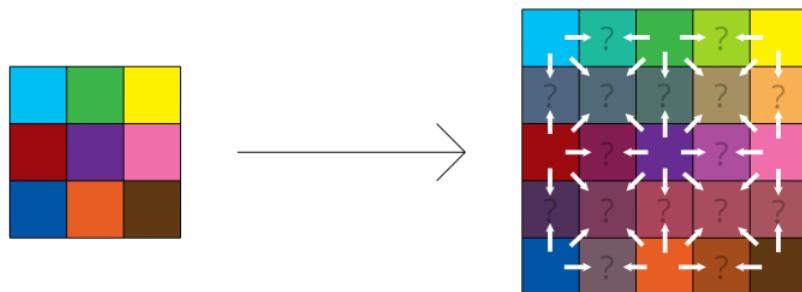


FIGURE A.5 – Exemple d’interpolation bilinéaire [100]

Bien que cette méthode soit simple et rapide, elle peut toutefois entraîner l’apparition d’un effet floue sur l’image agrandie.

A.1.2 Normalisation

La normalisation d'image est une étape importante dans le prétraitement des images, elle permet de rendre les images plus homogènes en termes de luminosité et de contraste, afin de faciliter le traitement et l'analyse de cette image.

Il existe plusieurs techniques de normalisation d'images, nous citons les plus utilisées :

A) **La normalisation Z-score :**

Appelée également " Standardisation standard ", consiste à soustraire la moyenne de la valeur originale du pixel et à diviser par l'écart type.[102]

$$NouvelleValeur = \frac{(x - moyenne)}{\text{écartType}} \dots (25)$$

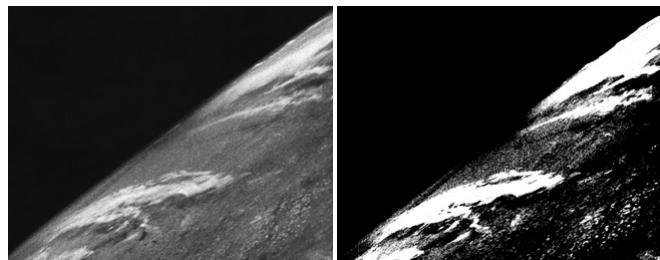


FIGURE A.6 – **normalisation**

B) **L'égalisation d'histogramme :**

L'égalisation d'histogramme est une méthode de traitement d'image numérique visant à ajuster le contraste d'une image. Son objectif est de répartir uniformément les pixels dans chacun des niveaux de gris, idéalement pour obtenir un histogramme plat où tous les niveaux de 0 à 255 ont le même nombre de pixels.

Cette technique permet d'augmenter le contraste d'une image, en particulier lorsque les niveaux de gris sont concentrés dans une plage restreinte, ce qui peut rendre l'image terne et peu contrastée. En répartissant uniformément les niveaux de gris, l'égalisation d'histogramme peut améliorer la visibilité des détails et des structures dans l'image. [42]

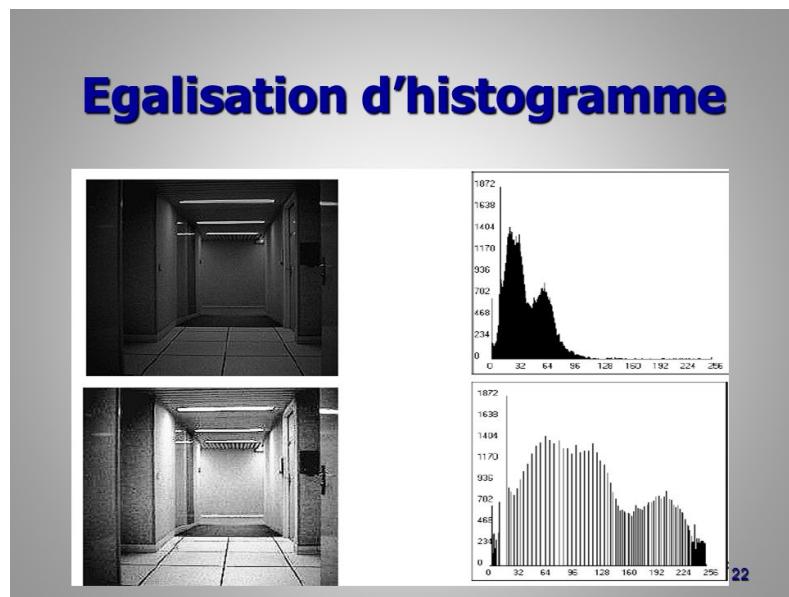


FIGURE A.7 – Exemple d’égalisation d’histogramme [103]

A.1.3 Filtrage

Le filtrage est une notion importante en traitement d’image, consiste à modifier la valeur des pixels d’une image, généralement dans le but d’améliorer son aspect en supprimant le bruit, de lisser les contours et d’extraire des caractéristiques spécifiques de celle-ci.

Il existe deux types principaux de filtrage : le filtrage passe-bas et le filtrage passe-haut.

A) Filtrage passe-bas :

Le filtrage passe-bas est une technique de traitement de signal qui consiste à éliminer les hautes fréquences d’un signal en ne laissant passer que les basses fréquences. Dans le traitement d’image, cela revient à flouter l’image et à supprimer les détails fins.

Les filtres passe-bas sont souvent utilisés pour réduire le bruit dans une image et pour préparer l’image avant une opération de détection ou de reconnaissance.

Ils peuvent être implémentés sous forme de filtres linéaires ou non linéaires.

1. Filtres linéaires :

Les filtres linéaires sont souvent utilisés en conjonction avec des méthodes de convolution, où chaque pixel de l'image est multiplié par les coefficients du filtre qui peut être représenté sous forme matricielle. La somme pondérée de ces produits est utilisée pour calculer la valeur de sortie du pixel.

Les filtres linéaires couramment utilisés comprennent le filtre moyen-neur le filtre gaussien.

- **Le filtre moyen-neur :**

Le filtre moyen-neur est une technique de traitement d'image simple et intuitive utilisée pour lisser les images en réduisant les variations d'intensité entre les pixels voisins.

Cette technique est implémentée en calculant la moyenne locale dans le voisinage de chaque pixel, où la valeur de chaque pixel est remplacée par la moyenne des valeurs de tous les pixels du voisinage. [104]



FIGURE A.8 – **Filtre moyen-neur** [104]

- **Le filtre gaussien :**

Le filtre gaussien est un opérateur de convolution 2D qui permet de flouter les images en supprimant les détails et le bruit. Ce filtre utilise un noyau qui suit la forme gaussienne (en forme de cloche) [42].

$$G(x, y) = \frac{1}{2\pi\sigma^2} e^{-\frac{x^2+y^2}{2\sigma^2}} \dots (26)$$

- Si σ est inférieur à la taille d'un pixel, le flou est presque imperceptible.
- Plus σ est grand, plus le flou est important, mais l'image filtrée devient de plus en plus floue.
- Si σ est trop grand, tous les détails de l'image sont perdus.

Ainsi, le filtre gaussien est souvent utilisé pour réduire le bruit dans les images tout en préservant les contours et les bords importants. La valeur de σ doit être soigneusement choisie en fonction des caractéristiques de l'image et de l'effet souhaité.



FIGURE A.9 – Exemple d'application du filtre gaussien [105]

2. Filtres non-linéaires :

Contrairement aux filtres linéaires, les filtres non-linéaires sont des méthodes de traitement d'image qui modifient les pixels de l'image en fonction de leur relation avec leurs voisins, sans utiliser une combinaison linéaire fixe des pixels voisins.

Les filtres non-linéaires couramment utilisés comprennent le filtre médian et les filtres morphologiques.

• Le filtre médian :

Le filtre médian est couramment utilisé pour réduire le bruit "poivre et sel" dans une image, similaire au filtre moyen. Contrairement à ce dernier, le filtre médian a tendance à mieux préserver les détails

importants de l'image, car il ne dépend pas des valeurs qui diffèrent considérablement des valeurs typiques du voisinage.

L'idée principale du filtre médian est de trier les pixels voisins par ordre croissant de leur niveau de gris, puis d'affecter la valeur médiane au pixel central. En effectuant cette opération sur chaque pixel de l'image, les pixels bruyants sont remplacés par des valeurs médianes plus représentatives de leur voisinage, ce qui permet de réduire le bruit tout en préservant les caractéristiques importantes de l'image[42].

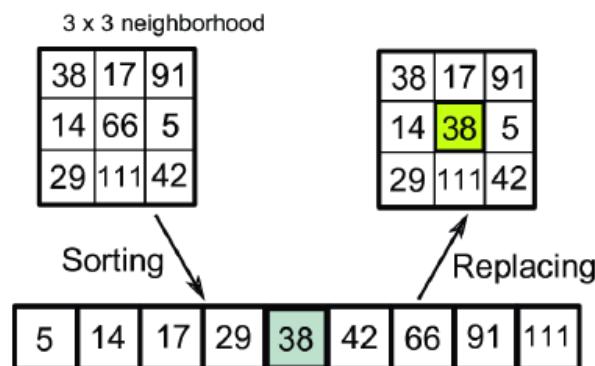


FIGURE A.10 – Filtre médian [42]

- **Les filtres morphologiques :**

Les filtres morphologiques sont différents des filtres mentionnés précédemment car ils sont définis par des propriétés algébriques plutôt que par des combinaisons linéaires de pixels voisins. Ils sont caractérisés par leur propriété d'être des opérateurs croissants et idempotents [106].

Contrairement aux filtres linéaires qui utilisent des noyaux de convolution pour calculer la nouvelle valeur de chaque pixel, les filtres morphologiques utilisent des opérations morphologiques telles que l'érosion et la dilatation pour modifier la forme et la structure des objets dans l'image.

Dilatation : il s'agit d'effectuer un balayage de l'image par un élément structurant (fenêtre) avec utilisation du OU logique. (Augmenter l'épaisseur d'un contour)

Erosion : il s'agit d'effectuer un balayage de l'image par un élément structurant (fenêtre) avec utilisation du ET logique. (Réduire l'épaisseur d'un contour).

En combinant ces deux opérations élémentaires, autres opérations peuvent être créées, notamment :

Ouverture(opening) : érosion suivie d'une dilatation sur le même noyau.

$$A \circ B = (A \ominus B) \oplus B \dots (27)$$

Fermeture (closing) : dilatation suivie d'une érosion sur le même noyau.

$$A \bullet B = (A \oplus B) \ominus B \dots (28)$$

Ci-dessus une illustration qui montre l'effet de chaque opération sur une image.

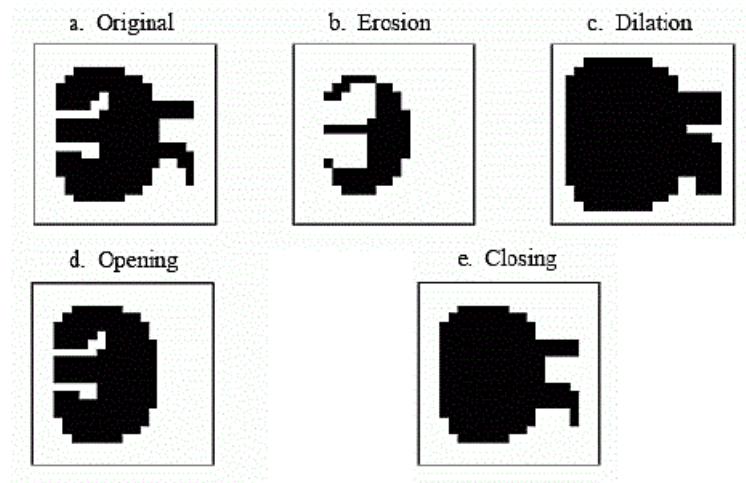


FIGURE A.11 – Exemple des filtres morphologiques [107]

B) Filtrage passe-haut :

Les filtres passe-haut sont une technique de traitement de signal qui permettent de supprimer les basses fréquences d'un signal en ne laissant passer que les hautes fréquences. Dans le traitement d'image, cela revient à accen-

tuer les contours et les détails fins de l'image en supprimant les régions lisses et les zones uniformes. Ils sont utilisés pour des tâches telles que la détection de bordures, la détection de contours, la mise en évidence de caractéristiques spécifiques de l'image, etc.

Ces filtres sont particulièrement utiles lorsque les hautes fréquences d'une image contiennent des informations importantes qui doivent être conservées.

Il est important de noter que les coefficients du masque peuvent être de signe quelconque mais leur somme est égale à 0. [42]

- **Le gradient :**

C'est la dérivée première de la fonction de niveau de gris, le contour correspond à la norme du gradient supérieure à un seuil donné. Les contours correspondent aux maxima de la première dérivée [42].

- **Le Laplacien :**

C'est la dérivée seconde de la fonction de niveau de gris, le contour correspond au passage par zéro du Laplacien. Les contours correspondent aux passages par zéros de la deuxième dérivée [42].

B

Apprentissage automatique

Au cours de cette deuxième section de l'annexe, nous allons explorer en détail un concept fondamental de l'intelligence artificielle, à savoir l'apprentissage automatique.

B.1 Le perceptron :

Le perceptron ou le neurone est l'entité la plus petite d'un réseau de neurones artificielle (ANN). Ils ont été inventés en tant que modèles de calcul simples de neurones. Un neurone artificiel typique a de nombreuses entrées (inputs), un corps cellulaire et une seule sortie (output).

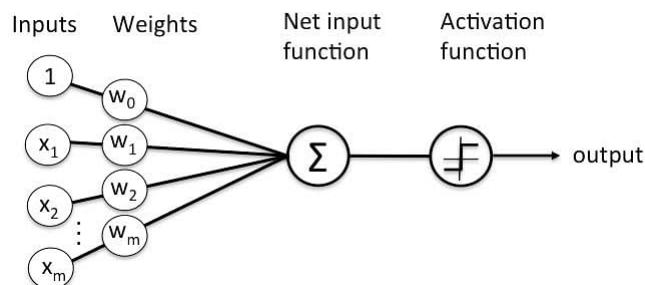


FIGURE B.1 – Neurones artificiel [74]

Avec :

X les valeurs d'entrées que reçoit le neurone.

W : poids du modèle.

$$X = \begin{bmatrix} X_1 \\ \cdot \\ \cdot \\ X_n \end{bmatrix}$$

$$W = \begin{bmatrix} W_1 \\ \cdot \\ \cdot \\ W_n \end{bmatrix}$$

$$X \cdot W^T = X_1 \times W_1 + X_2 \times W_2 + \dots + X_n \times W_n \dots (29)$$

1. Fonction d'activation :

Les fonctions d'activation ont pour but de transformer les signaux d'entrée en signaux de sortie dans les réseaux de neurones artificiels. Dans un réseau de neurones artificiels, chaque neurone calcule une sortie en multipliant chaque entrée par son poids correspondant, puis en additionnant le tout. Enfin, une fonction d'activation est appliquée à cette somme pondérée pour obtenir la sortie de ce neurone particulier. Cette sortie est ensuite utilisée comme entrée pour la couche suivante du réseau. [75]

Il existe plusieurs fonctions d'activations, nous citerons ci-dessous les plus connues :

a. Fonction Linéaire :

La fonction d'activation linéaire a une équation similaire à celle d'une droite, l'activation est proportionnelle à l'entrée et est donnée par :

$$f(x_i) = kx_i \dots (30)$$

Où x_i est l'entrée.

k : facteur de multiplication.

La fonction d'activation linéaire est une fonction qui produit une sortie proportionnelle à l'entrée. Si toutes les fonctions d'activation des couches d'un réseau de neurones sont linéaires, alors la fonction d'activation finale de la dernière couche ne sera qu'une simple fonction linéaire de l'entrée de la première couche. [76]

b. Fonction Sigmoïde :

La fonction sigmoïde est une fonction non linéaire qui transforme les entrées en sorties entre 0 et 1 avec une courbe en S. Elle peut causer des problèmes de disparition de gradient, mais reste populaire pour la classification binaire en raison de sa plage de sortie.

$$f(x) = \frac{1}{1 + e^{-x}} \dots (31)$$

x : valeur en entrée.

c. Fonction Relu (Rectified Linear Unit) :

La fonction ReLU est devenue très populaire au cours des dernières années. Elle est généralement implémentée dans les couches cachées des réseaux de neurones artificiels (ANN), en particulier dans presque tous les réseaux de neurones convolutifs (CNN) ou d'apprentissage profond (DP). [77]

$$f(x_i) = \max(0, x_i) = \begin{cases} x_i, & x_i > 0 \\ 0, & x_i < 0 \end{cases} \dots (32)$$

x_i : valeur en entrée.

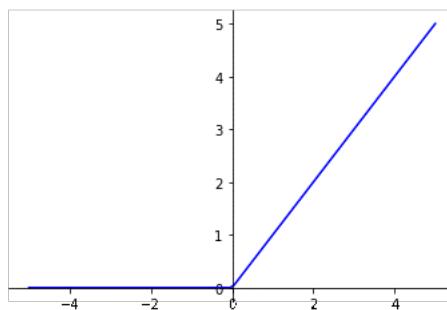


FIGURE B.2 – Fonction RelU

Par conséquent, la plage de valeurs de ReLU est $[0, \infty)$. Le gradient pour les entrées positives est 1 et 0 pour les entrées négatives. La fonction ReLU résout

le problème de la complexité de calcul des fonctions sigmoïde logistique et tanh. L'inconvénient de ReLU est le problème de disparition du gradient pour les entrées négatives. [77]

d. Softmax :

La fonction Softmax est une combinaison de plusieurs fonctions sigmoïdes. Comme nous le savons, une fonction sigmoïde renvoie des valeurs dans la plage de 0 à 1, qui peuvent être traitées comme des probabilités des points de données d'une classe particulière. Contrairement aux fonctions sigmoïdes utilisées pour la classification binaire, la fonction Softmax peut être utilisée pour les problèmes de classification multi-classes. Pour chaque point de données de toutes les classes individuelles, la fonction renvoie la probabilité correspondante. [75]

2. La fonction coût :

Une fonction coût dans un réseau de neurones va évaluer le modèle neuronal en comparant les valeurs prédites par le réseau de neurones pour chaque entrée, nous les appellerons "valeurs prédictives" avec les "valeurs réelles". Le but est d'actualiser les paramètres pour diminuer l'erreur.

a. Categorical cross entropy :

L'estimation de la vraisemblance maximale (Maximum likelihood estimation ou MLE) est une méthode permettant d'estimer les paramètres d'une distribution de probabilité en maximisant la vraisemblance. [78]

$$L_{CCE} = -\frac{1}{K} \sum_{j=1}^K \log(\hat{f}_K(x)) \dots (33)$$

K représente le nombre total de classes.

j est l'indice de chaque classe (de 1 à K).

$\hat{f}_K(x)$) est l'estimation de la probabilité que l'échantillon x appartienne à la classe K , généralement donnée par le modèle ou le réseau neuronal.

3. Architecture d'un réseau de neurones artificielles :

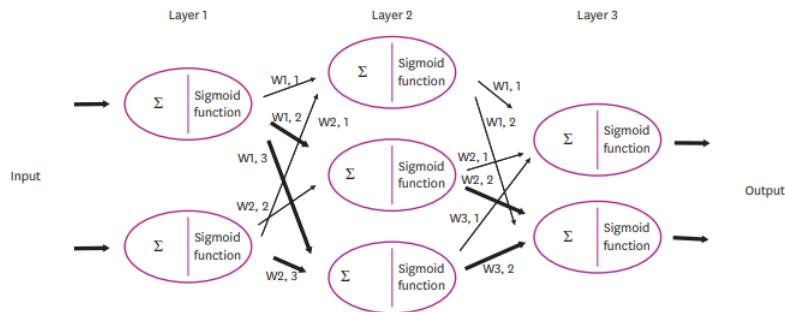


FIGURE B.3 – architecture d'un réseau de neurones. [79]

a. Présentation des couches d'un CNN :

1. La couche d'entrée :

Contiendra les valeurs des pixels de l'image.

2. Couche de convolution (Convolutional layer) : [80]

Une couche de convolution est un composant fondamental de l'architecture CNN qui effectue l'extraction de caractéristiques, ce qui implique généralement une opération de convolution à qui s'applique une fonction d'activation, pour introduire la non-linéarité.

Une opération de convolution :

La convolution est un type spécial d'opération linéaire utilisé pour l'extraction de caractéristiques, où une petite matrice de nombres, appelée noyau, est appliquée sur l'entrée, qui est une matrice de nombres, appelée tenseur. Un produit élément par élément entre chaque élément du noyau et du tenseur d'entrée est calculé à chaque position du tenseur et sommé pour obtenir la valeur de sortie dans la position correspondante du tenseur de sortie, appelé carte de caractéristiques.

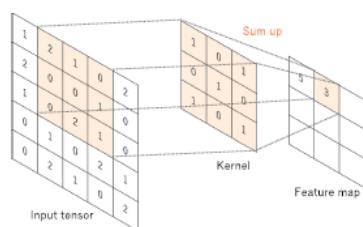


FIGURE B.4 – opération de convolution [80]

3. La couche Pooling :

La couche de pooling effectue une opération de réduction typique de la dimensionnalité dans le plan des cartes de caractéristiques afin d'introduire une invariance aux petites translations et déformations, et de diminuer le nombre de paramètres apprenables subséquents. Il existe deux formes de pooling :

a. Max Pooling :

La forme la plus populaire d'opération de pooling est le max pooling, qui extrait des patchs des cartes de caractéristiques en entrée, produit la valeur maximale de chaque patch et élimine toutes les autres valeurs. Un max pooling avec un filtre de taille 2×2 et un stride de 2 est couramment utilisé en pratique. Cela réduit la dimension de plan en feature maps d'un facteur de 2. Contrairement à la hauteur et à la largeur, la profondeur des cartes de caractéristiques reste inchangée.

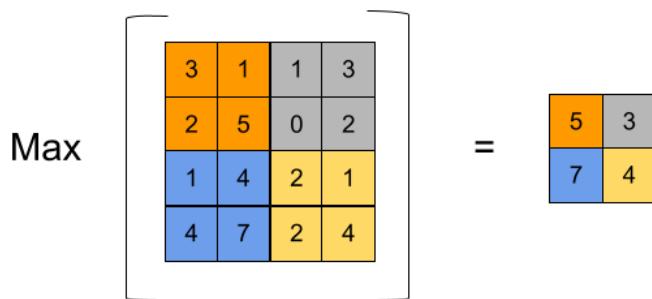


FIGURE B.5 – application du max-pooling [81]

b. Global Average Pooling :

Une global average pooling effectue une opération de downsampling extrême, où une carte de caractéristiques avec une taille de hauteur x largeur est réduite en une matrice 1×1 en prenant simplement la moyenne de tous les éléments de chaque carte de caractéristiques, tandis que la profondeur des cartes de caractéristiques est conservée. Cette opération est généralement appliquée une seule fois avant les couches entièrement connectées.

Les avantages de l'application du pooling global moyen sont les suivants :

- Réduire le nombre de paramètres apprenables.
- Permet au CNN d'accepter des entrées de tailles variables.

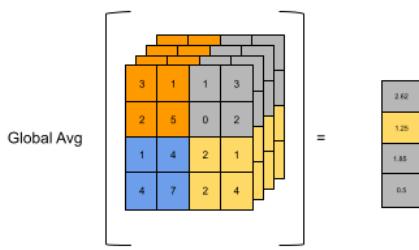


FIGURE B.6 – application du global average pooling [81]

4. Couche totalement connecté :

La sortie des dernières couches de convolution ou de pooling est généralement aplatie en une matrice à une dimension (1D) et connectée à une ou plusieurs couches entièrement connectées, également appelées couches denses, où chaque entrée est connectée à chaque sortie par un poids apprenable. La couche entièrement connectée finale a généralement le même nombre de noeuds de sortie que le nombre de classes. Chaque couche entièrement connectée est suivie d'une fonction non linéaire. [80]

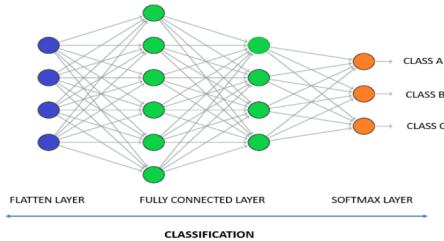


FIGURE B.7 – couche totalement connectée [82]

b. Régularisation d'un CNN :

Il existe plusieurs techniques couramment utilisées dans le domaine du deep learning pour régulariser. Voici quelques-unes des méthodes les plus courantes :

1. Normalisation par lots (Batch-Normalization) :

Iofee et Szegedy ont proposé la technique de normalisation par lots en 2015. Cette technique met à jour les entrées à chaque mini-batch pour qu'elles aient une variance unitaire et une moyenne nulle, ce qui améliore significativement le temps

d'entraînement et la précision des réseaux de neurones profonds. [83]

2. Dropout :

Le "dropout" est une méthode qui permet de résoudre le problème de " généralisation " dans les réseaux de neurones. L'idée principale est de supprimer aléatoirement certaines unités et leurs connexions pendant l'entraînement, afin d'empêcher une coadaptation trop forte entre ces unités. [84]

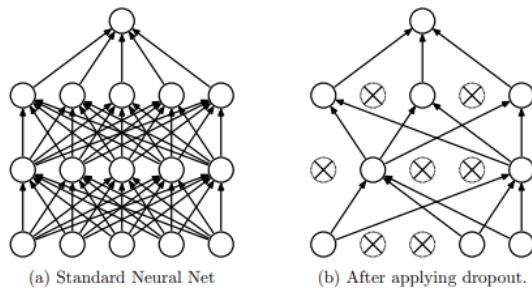


FIGURE B.8 – Dropout [84]

Bibliographie

Articles

- [5] R.Khelafi et ul, Épidémiologie de la bronchopneumopathie chronique obstructive dans la wilaya d'AlgerEpidemiology of chronic obstructive pulmonary disease in Algiers. Publié en 2011. Disponible sur :
<https://www.sciencedirect.com/science/article/abs/pii/S0761842510005589>.
- [9] A.Marouani et ul, Le cancer broncho-pulmonaire primitif : à propos de 780 cas. Publié en 2015. Disponible sur :
<https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S0761842515005124>.
- [24] Xiaoli Tang, The role of artificial intelligence in medical imaging research. Publié en 2019. Disponible sur :
<https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S0761842515005124>.
- [25] Guosheng Liang et ul, The emerging roles of artificial intelligence in cancer drug development and precision therapy. Publié en 2020. Disponible sur :
<https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/32446113/>.
- [26] Anu Maria Sebastian et David Peter, Artificial Intelligence in Cancer Research : Trends, Challenges and Future Directions. Publié en 2022. Disponible sur : <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/36556356/>.
- [27] Ronald A Castellino, Computer aided detection (CAD) : an overview. Publié en 2005. Disponible sur : <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/16154813/>.
- [28] Faridoddin Shariaty et ul, Texture appearance model, a new model-based segmentation paradigm, application on the segmentation of lung nodule in the CT scan of the chest. Publié en 2022. Disponible sur :
<https://www.sciencedirect.com/science/article/abs/pii/S0010482521008805>.
- [29] Ayman El-Baz et ul, Computer-aided diagnosis systems for lung cancer : challenges and methodologies . Publié en 2013. Disponible sur :
<https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/23431282/>.

-
- [30] D. Palani et K. Venkatalakshmi, An IoT Based Predictive Modelling for Predicting Lung Cancer Using Fuzzy Cluster Based Segmentation and Classification. Publié en 2019. Disponible sur : <https://doi.org/10.1007/s10916-018-1139-7>.
- [31] Siddharth Bhatia et al, Lung Cancer Detection : A Deep Learning Approach. Publié en 2020. Disponible sur : <https://www.comp.nus.edu.sg/~sbhatia/assets/pdf/bhatia2017lung.pdf>.
- [32] Rodney LaLonde et al, Encoding visual attributes in capsules for explainable medical diagnoses. Publié en 2019. Disponible sur : DOI :10.1007/978-3-030-59710-8_9
- [33] Sara Sabour et al, Dynamic Routing Between Capsules. Publié en 2017. Disponible sur : <https://doi.org/10.48550/arXiv.1710.09829>.
- [34] Sharmila Nageswaran et al, Lung Cancer Classification and Prediction Using Machine Learning and Image Processing. Publié en 2022. Disponible sur : <https://doi.org/10.1155/2022/1755460>.
- [35] P Malin Bruntha et al, A Novel Hybridized Feature Extraction Approach for Lung Nodule Classification Based on Transfer Learning Technique. Publié en 2022. Disponible sur : <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/35548037/>.
- [36] Imran Shafi et al, An Effective Method for Lung Cancer Diagnosis from CT Scan Using Deep Learning-Based Support Vector Network. Publié en 2022. Disponible sur : <https://doi.org/10.3390/cancers14215457>.
- [37] D.P.Huttenlocher et al, Comparing images using the Hausdorff distance. Publié en 1993. Disponible sur : <https://ieeexplore.ieee.org/document/232073>.
- [41] G.Kumar P.Bhatia, A Detailed Review of Feature Extraction in Image Processing Systems. Publié en 2014. Disponible sur :doi :10.1109/acct.2014.74.
- [43] Robert M.Haralick et al, Textural Features for Image Classification. Publié en 1973. Disponible sur :DOI : 10.1109/TSMC.1973.4309314
- [44] M.Unser, Sum and difference histograms for texture classification. Publié en 1986. Disponible sur :DOI : 10.1109/tpami.1986.4767760
- [45] J. G. Daugman, Uncertainty relation for resolution in space, spatial frequency, and orientation optimized by two-dimensional visual cortical filters . Publié en 1985. Disponible sur :<https://doi.org/10.1364/JOSAA.2.001160>

-
- [46] Christian Janiesch et ul, Machine learning and deep learning . Publié en 2021. Disponible sur :<https://doi.org/10.1007/s12525-021-00475-2>
- [48] Iqbal H.Sarker , Deep Learning : A Comprehensive Overview on Techniques, Taxonomy, Applications and Research Directions . Publié en 2021. Disponible sur :<https://doi.org/10.1007/s42979-021-00815-1>
- [49] Yann LeCun et ul , Deep Learning. Publié en 2015. Disponible sur :<https://doi.org/10.1038/nature14539>
- [51] G. E. Hinton, A. Krizhevsky S. D. Wang , Transforming Auto-encoders, University of Toronto. Disponible sur :<http://www.cs.toronto.edu/~fritz/absps/transauto6.pdf>
- [72] Ajay Kulkarni et ul, Foundations of data imbalance and solutions for a data democracy, Publié en 2021. Disponible sur : DOI :[10.1016/b978-0-12-818366-3.00005-8](https://doi.org/10.1016/b978-0-12-818366-3.00005-8)
- [75]Siddharth Sharma, Simone Sharma et Anidhya Athaiya. " ACTIVATION FUNCTIONS IN NEURAL NETWORKS ". International Journal of Engineering Applied Sciences and Technology 04, En Mai 2020, p. 310-316. doi : 10.33564/IJEAST.2020.v04i12.054
- [76]Jianli Feng and Shengnan, Performance Analysis of Various Activation Functions in Artificial Neural Networks, 2019. Disponible sur : <https://iopscience.iop.org/article/10.1088/1742-6596/1237/2/022030/pdf>
- [77]Feng, J., Lu, S. Performance Analysis of Various Activation Functions in Artificial Neural Networks. Journal of Physics : Conference Series, 1237, 022030. En 2019. Disponible sur : doi :[10.1088/1742-6596/1237/2/022030](https://doi.org/10.1088/1742-6596/1237/2/022030).
- [78]Lorenzo Ciampiconi et ul. A survey and taxonomy of loss functions in machine learning. Le 13 janvier 2023. Disponible sur : <https://arxiv.org/abs/2301.05579>
- [79]Han et ul, Y. C. Artificial Neural Network : Understanding the Basic Concepts without Mathematics. Dementia and Neurocognitive Disorders, 17(3), 83. Le 20 Novembre 2022. Disponible sur : doi :[10.12779/dnd.2018.17.3.83](https://doi.org/10.12779/dnd.2018.17.3.83)
- [80]Yamashita et ul. Convolutional neural networks : an overview and application in radiology. Insights into Imaging. En 2018. Disponible sur : doi :[10.1007/s13244-018-0639-9](https://doi.org/10.1007/s13244-018-0639-9).
-

[83]Avinash a.Hidaeoo. " Deep Learning and its Application : A Review ". Disponible sur : <https://ijrpr.com/uploads/V3ISSUE10/IJRPR7346.pdf>

[84]Nitish Srivastava, Geoffrey Hinton. Dropout : A Simple Way to Prevent Neural Networks from Overfitting. Disponible sur : <https://jmlr.org/papers/volume15/srivastava14a/srivastava14a.pdf>

[90]Geert Litjens et ul. A survey on deep learning in medical image analysis,2017. Disponible sur : <https://doi.org/10.1016/j.media.2017.07.005>

[92]W.Rawat et Z.Wang, Deep Convolutional Neural Networks for ImageClassification : A Comprehensive Review, 2017. Disponible sur : <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/28599112/>

[93]Mensah Kwabena Patrick et ul. Mensah Kwabena Patrick, 2022. Disponible sur : <https://doi.org/10.1016/j.jksuci.2019.09.014>

Pages Web

[1] Centre de transplantation d'organe . Anatomie et physiologie : Chuv. Septembre 2019. Disponible sur : <https://www.chuv.ch/fr/transplantation/cto-home/patients-et-familles/poumon/anatomie-et-physiologie>

[2] Le journal des femme. Poumon : anatomie, schéma, rôle, maladies, examens : Dr M.Larrousse. Disponible sur : <https://sante.journaldesfemmes.fr/fiches-anatomie-et-examens/2678011-poumon-anatomie-schema-role-maladies-examens-specialiste/>

[3] OMS. Asthme. Disponible sur : <https://www.who.int/fr/news-room/fact-sheets/detail/asthma>

[4] OMS. Bronchopneumopathie chronique obstructive (BPCO). Disponible sur : [https://www.who.int/fr/news-room/fact-sheets/detail/chronic-obstructive-pulmonary-disease-\(copd\)](https://www.who.int/fr/news-room/fact-sheets/detail/chronic-obstructive-pulmonary-disease-(copd))

[6] Gouvernement du Canada. Cancer du poumon. Disponible sur : <https://www.canada.ca/fr/sante-publique/services/maladies-chroniques/cancer/cancer-poumon.html>

[7] Société canadienne du cancer. Cancer du poumon. Disponible sur : <https://cancer.ca/fr/cancer-information/cancer-types/lung>

-
- [8] OMS. Cancer. Disponible sur :
<https://www.who.int/fr/news-room/fact-sheets/detail/cancer>
- [10] MedicalNewsToday. Lung cancer : Everything you need to know. Disponible sur : <https://www.medicalnewstoday.com/articles/323701>
- [11] MedicalNewsToday. What you need to know about small cell lung cancer. Disponible sur : <https://www.medicalnewstoday.com/articles/316466>
- [12] SEER Training. Types of Lung Cancer. Disponible sur :
<https://training.seer.cancer.gov/lung/intro/types.html>
- [13] ViDAL. Cancer du poumon. Disponible sur :
<https://www.vidal.fr/maladies/cancers/cancer-poumon.html>
- [14] Mayo Clinic. Lung nodules : Can they be cancerous ?. Disponible sur :
<https://www.mayoclinic.org/diseases-conditions/lung-cancer/expert-answers/lung-nodules/faq-20058445>
- [15] American Cancer Society. Tests for Lung Cancer. Disponible sur :
<https://www.cancer.org/cancer/lung-cancer/detection-diagnosis-staging/how-diagnosed>
- [16] National Cancer Institute. sputum cytology. Disponible sur :
<https://www.cancer.gov/publications/dictionaries/cancer-terms/def/sputum-cytology>
- [17] American Thoracic Society. What is a Lung Nodule ?. Disponible sur :
<https://www.thoracic.org/patients/patient-resources/resources/lung-nodules-online.pdf>
- [18] FDA. Medical Imaging. Disponible sur : <https://www.fda.gov/radiation-emitting-products/radiation-emitting-products-and-procedures/medical-imaging>
- [19] FDA. MRI (Magnetic Resonance Imaging). Disponible sur :
<https://www.fda.gov/radiation-emitting-products/medical-imaging/mri-magnetic-resonance-imaging>
- [20] FDA. Radiography. Disponible sur : <https://www.fda.gov/radiation-emitting-products/medical-x-ray-imaging/radiography>
- [21] Société canadienne du cancer. Radiographie. Disponible sur :
<https://cancer.ca/fr/treatments/tests-and-procedures/x-ray>
-

-
- [22] FDA. Computed Tomography (CT). Disponible sur :
<https://www.fda.gov/radiation-emitting-products/medical-x-ray-imaging/computed-tomography-ct>
- [23] FDA. Medical X-ray Imaging. Disponible sur :
<https://www.fda.gov/radiation-emitting-products/medical-imaging/medical-x-ray-imaging>
- [53] Max Pechyonkin. Understanding Hinton's Capsule Networks. Disponible sur : <https://pechyonkin.me/capsules-1/>
- [58] Python. What is Python ? Executive Summary. Disponible sur :
<https://www.python.org/doc/essays/blurb/>
- [59] TensorFlow. Disponible sur : <https://www.tensorflow.org/?hl=fr>
- [60] NumPy. What is NumPy ?. Disponible sur :
<https://numpy.org/doc/stable/user/whatisnumpy.html>
- [61] OpenCV. About. Disponible sur : <https://opencv.org/about/>
- [62] NashPy. Disponible sur : <https://nashpy.readthedocs.io/en/stable/>
- [63] SciPy. Disponible sur : <https://github.com/scipy/scipy>
- [64] Pillow. Disponible sur : <https://pillow.readthedocs.io/en/stable/>
- [65] SQLite. Disponible sur : <https://www.sqlite.org/index.html>
- [66] Python. About PyQt. Disponible sur : <https://wiki.python.org/moin/PyQt>
- [67] Riverbank Computing. What is PyQt ?. Disponible sur :
<https://riverbankcomputing.com/software/pyqt/intro>
- [68] OMS. Cancer. Disponible sur :
<https://www.who.int/fr/news-room/fact-sheets/detail/cancer>
- [69] Microsoft. Documentation for visual studio code. Disponible sur :
<https://code.visualstudio.com/docs>
- [70] Kaggle. Data Science Bowl 2017. Disponible sur :
<https://www.kaggle.com/c/data-science-bowl-2017>

-
- [71] DeepAI. Evaluation Metrics. Disponible sur :
<https://deepai.org/machine-learning-glossary-and-terms/evaluation-metrics>
- [74] Simple I Learn. What is Perceptron : A Beginners Guide for Perceptron. Disponible sur :
<https://www.simplilearn.com/tutorials/deep-learning-tutorial/perceptron>
- [81] Analytics India Magazine. Comprehensive Guide to Different Pooling Layers in Deep Learning. Disponible sur : <https://analyticsindiamag.com/comprehensive-guide-to-different-pooling-layers-in-deep-learning/> :text=The%20global%20average%20pooling%20layer,value%20to%20the%20activation%20layer.text = The%20global%20max%20
- [82] India Tech Warrior. Fully Connected Layers in Convolutional Neural Networks. Disponible sur : <https://indiantechwarrior.com/fully-connected-layers-in-convolutional-neural-networks/>
- [85] Alamy. Nodules pulmonaires Photos Stock Des Images. Disponible sur : <https://www.alamyimages.fr/photos-images/nodulespulmonaires.html?sortBy=relevant>
- [86] ELSEVIER. Reconnaître l'anatomie pulmonaire normale. Disponible sur :
<https://www.elsevier.com/fr-fr/connect/imagerie-medicale/reconnaitrelanatomie-pulmonaire-normale>
- [87] Doctissimo. L'IRM (Imagerie par Résonance Magnétique). Disponible sur :
<https://www.doctissimo.fr/html/sante/imagerie/irm.htm>
- [88] ResearchGate. A Computer-Aided System for the Detection of Lung Nodules in CT Scans Images. Disponible sur :
<https://www.researchgate.net/figure/Fig32-Computed-tomography-CT-systemmain-parts-Quoted-from-33fig2326045386>
- [89] Statista. Growth rate for the artificial intelligence healthcare market worldwide from 2014 to 2021. Disponible sur :
<https://www.statista.com/statistics/938794/global-healthcare-artificialintelligence-market-growth-rate/>
- [94] i2tutorials. What do you mean by Tensor and Explain about Tensor Datatype and Ranks ?. Disponible sur :
<https://www.i2tutorials.com/what-doyou-mean-by-tensor-and-explain-about-tensor-datatype-and-ranks/>

-
- [95] bimath. Point col (selle). Disponible sur :
<https://www.bibmath.net/dico/index.php?action=affichequoi=./p/pointcol.html>
- [96] Grand Challenge. Lung cancer risk estimation on thorax CT scans -DSB2017. Disponible sur : <https://grand-challenge.org/algorithms/lung-cancerrisk-estimation-on-thorax-ct-scans-dsb/>
- [97] Squarespace. Understanding aspect ratios. Disponible sur :
<https://support.squarespace.com/hc/en-us/articles/115008538927-Understanding-aspect-ratios> :text=An%20aspect%20ratio%20is%20a, and%20width%20are%20the%20same.
- [98] Vectornator.What's the Aspect Ratio ?. Disponible sur :
<https://www.vectornator.io/blog/what-is-aspect-ratio/>
- [99] Wikimath, Traitement Des Images. Disponible sur : <https://cours-info.iut-bm.univ-fcomte.fr/wiki/pmwiki.php/Imagerie/TraitementDesImages>
- [100] Interpolation, Les différentes méthodes d'interpolation. Disponible sur :
<https://interpolation2016.wordpress.com/methodes-interpolations/>
- [101] Quora, What is "Anti-aliasing" ?. Disponible sur :
<https://www.quora.com/What-is-Anti-aliasing>
- [102] Statology, Z-Score Normalization : Definition Examples. Disponible sur :
<https://www.statology.org/z-score-normalization/>
- [104] Mean Filter. Disponible sur :
<https://homepages.inf.ed.ac.uk/rbf/HIPR2/mean.htm>
- [105] Explain about gaussian filtering ? Oct. 2019. Disponible sur :
<https://www.i2tutorials.com/explain-about-gaussian-filtering>
- [106] I. Bloch. Filtrage morphologique. Disponible sur : <https://www.techniques-ingenieur.fr/base-documentaire/technologies-de-l-information-th9/geomatique-42641210/morphologie-mathematique-et->
- [107] ResearchFate. Morphological operations. Disponible sur :<https://www.researchgate.net/figure/operations-four-basic-morphological-operations-are-used-in-the-processingfig1264879268>

Cours

- [38] Raphaèle Herbin ,Cours d'Analyse numérique, Licence de mathématiques ,Université Aix Marseille, 2020 : Disponible sur : <https://www.i2m.univ-amu.fr/perso/thierry.gallouet/licence.d/anum.d/anamat-tg.pdf>
- [39] Guillaume Vigeral ,Cours de Théorie des Jeux, L3 MIDO ,Version partielle et provisoire, Université Paris Dauphine,2012 : Disponible sur :
<https://www.ceremade.dauphine.fr/~vigeral/PolykopieL3.pdf>
- [42] N.BAHA ,Cours de traitement et Analyse d'images et de la vidéo, Université des sciences et de la technologie HOUARI BOUMEDIENE.
- [54] Dahmani Djamil , Cours théories des jeux, Université des sciences et de la technologie HOUARI BOUMEDIENE.
- [55] T. Pénard , Introduction à la théorie des jeux, Université de Rennes 1.
- [56] M. Ozturk , Theorie des jeux, Université Paris Dauphine – PSL.
- [57] Sébastien Konieczny , Introduction à la Théorie des Jeux, Université d'Artois - Lens.
- [91] A.Calmettes et G.Cedille, Vision par ordinateur - Filtres de Gabor.
- [103] Traitements à base d'histogrammes, Faculté des Sciences de Tunis.

Livres

- [40] Noam Nisan et al. Algorithmic game theory. Cambridge University Press, 2008.
- [47] Simon J.D.Prince. Understanding Deep Learning , 2023.
- [50] Steven Walczak Narciso Cerpa. Artificial Neural Networks , 2003.
- [73] Vijay Kotu Bala Deshpande. Predictive Analytics and Data Mining , 2015.
- [75] Simon J.D. Prince, Understanding Deep Learning, 2023.
- [76] J. Anitha et ul, Chapter 3 Social media data analytics using feature engineerin, Systems Simulation and Modeling for Cloud Computing and Big Data Applications, 2020.

Mémoires de Master

- [52] Johan Edstedt. Towards Understanding Capsule Networks, Département de Génie Électrique de l'Université de Linköping, 2020.