

REPUBLIQUE ALGERIENNE DEMOCRATIQUE ET POPULAIRE  
MINISTERE DE L'ENSEIGNEMENT SUPERIEUR ET DE LA RECHERCHE SCIENTIFIQUE

UNIVERSITE MOULOU D MAMMERI DE TIZI-OUZOU

FACULTE DE GENIE ELECTRIQUE ET D'INFORMATIQUE

DÉPARTEMENT DE GENIE BIOMEDICAL



**Mémoire de fin de cycle**  
**En vue d'obtention de diplôme de master en Génie Biomédical**  
**Filière Instrumentation Biomédicale**

## **THEME**

**Détection et classification automatisée des  
tumeurs dans les images médicales**

*Présenté par :* **OUIS Zakia**  
**TAMELIKECHT Sabiha**

*Soutenu publiquement, le* **30/09 / 2024,** *devant le Jury composé de :*

<b>MOUAS</b>	<b>L'hocine</b>	<b>MCB</b>	<b>UMMTO</b>	<b>President</b>
<b>KEDIM</b>	<b>Mourad</b>	<b>MCB</b>	<b>UMMTO</b>	<b>Encadrant</b>
<b>MEDDOUR</b>	<b>Cherif</b>	<b>MAA</b>	<b>UMMTO</b>	<b>Examineur</b>

*Année universitaire : 2023/2024*



## Remerciements

*Au terme de rédaction de ce mémoire, nous tenons à exprimer notre profonde gratitude à tous ceux qui ont contribué à la réalisation de ce projet de fin d'études :*

*Nous voudrions dans un premier temps remercier, notre enseignant et directeur de mémoire Mr KEDM, pour sa passion pour l'enseignement, sa patience, sa disponibilité et surtout ses judicieux conseils, qui ont contribué à alimenter nos réflexions.*

*Nous souhaitons adresser nos remerciements sincères à tous les professeurs qui nous ont accompagné tout au long de notre parcours académique. Leur dévouement, leur expertise et leur passion pour l'enseignement ont été une source d'inspiration pour nous. Leurs enseignements nous ont permis de développer nos compétences et de nous préparer au mieux pour notre carrière professionnelle.*

*Nous adressons aussi nos gratitudes à toutes les personnes qui, par leurs paroles, leurs écrits, leurs conseils et leurs critiques ont guidé nos pas et ont accepté de répondre à nos questions durant notre recherche.*

*Nous tenons également à exprimer notre reconnaissance envers nos parents, dont le soutien constant et les encouragements indéfectibles ont été une source inépuisable de motivation. Leur amour inconditionnel et leurs sacrifices ont été les piliers sur lesquels nous avons pu construire nos parcours éducatifs.*



# SOMMAIRE

REMERCIEMENTS

LISTE DES ABRÉVIATIONS .....	I
LISTE DES FIGURES .....	II
LISTE DES SCHÉMAS.....	IV
INTRODUCTION GÉGÉRALE .....	1

## **CHAPITRE I : APPROCHE GLOBALE DE LA DETECTION DES TUMEURS PAR L'INTELLIGENCE ARTIFICIELLE.**

I.1. INTRODUCTION.....	3
I.2. PHYSIOLOGIE DES TUMEURS.....	4
I.2.1. La cellule cancéreuse .....	4
I.2.2. Évolution de la cellule cancéreuse à la formation de la tumeur.....	5
I.2.3. Type des tumeurs .....	5
I.2.4. Le système immunitaire .....	7
I.2.5. Les défis de l'immunité face aux cellules cancéreuses .....	8
I.3. MOYENS DE DIAGNOSTIC .....	9
I.3.1. Moyens biologiques :.....	9
I.3.2. Moyens d'imagerie médical.....	9
I.3.2.1. l'échographie : .....	10
I.3.2.2. Le scanner ou le tomodensitomètre (TDM) :.....	10
I.3.2.3. La mammographie : .....	11
I.3.2.4. L'imagerie par résonance magnétique nucléaire (IRM) :.....	12
I.3.2.5. Limites des techniques d'imagerie : .....	13
I.4. APPROCHE D'INTELLIGENCE ARTIFICIELLE EN IMAGERIE MEDICALE.....	14
I.5. LA CLASSIFICATION DES IMAGES MEDICALES.....	16
➤ Méthodes supervisées :.....	17

➤ Méthode non supervisée :.....	17
I.6. CONCLUSION.....	18

## **CHAPITRE II. PRÉTRAITEMENT ET ANALYSE DES DONNÉES DE L'IMAGE MÉDICAL**

II.1. INTRODUCTION.....	19
II.2. OBTENTION DES IMAGES .....	19
II.3. PROCESSUS DE PRETRAITEMENT .....	21
II.3.1. Délimitation de sein et élimination des parasites : .....	21
II.3.2. Modifier la résolution .....	23
II.4. DETECTION DES CONTOURS DE LA TUMEUR .....	26
II.5. DEEP LEARNING ET RÉSEAU DE NEURONE.....	27
II.5.1. Composants d'un réseau de neurone.....	28
II.5.1.1 Couche d'entrée :.....	28
II.5.1.2 Couches cachées :.....	29
II.5.1.3 Couches de sortie.....	30
II.5.2. Entraînement de réseau.....	31
II.5.3. Types de réseaux de neurones.....	32
II.5.4. Réseau de neurone convolutif.....	33
II.5.4.1. Couche convolutive .....	34
II.5.4.2. Couche de pooling (POOL) .....	35
II.5.4.3. La couche ReLU : .....	36
II.5.4.4. Couche fully-connected.....	37
II.5.5. Exemple d'un CNN .....	37
II.6. CONCLUSION.....	39

## CHAPITRE III. RÉSULTATS ET PRÉTRAITEMENT

III.1. INTRODUCTION.....	40
III.2. PRETRAITEMENT DES IMAGES MÉDICAL : .....	40
III.2.1. Organigramme d'exécution: .....	42
III.2.2 résultats de prétraitement.....	43
III.2.2.1. chargement de l'image :.....	43
III.2.2.2. Prétraitement de l'image : .....	44
III.2.2.3. Détection des contours de toute l'image.....	46
III.3. DETECTION DES TUMEURS .....	48
III.4. DEEP LEARNING.....	49
III.4.1 environnement de travail .....	50
III.4.1.1. Entraînement des données : .....	51
III.4.2 Architecture de notre système : .....	52
III.4.2.1. Rôle et configuration de chaque couche :.....	52
III.4.2.2. Entraînement de réseau : .....	53
III.4.3. Interface de détection : .....	55
III.4.3.1. Configuration et réalisation : .....	56
III.4.3.2 Résultats de configuration de l'interface : .....	57
III.4.4 LIMITES DU SYSTEME .....	59
III.4.4.1 Limite du système de prétraitement.....	59
III.4.4.2 limites du système de détection tumorale :.....	60
III.4.4.2 limites du système de classification :.....	60
III.5. CONCLUSION .....	61
CONCLUSION GÉNÉRALE .....	65
REFEÉRENCES BIBLIOGRAPHIQUES	
ANNEXES	

## **LISTE DES ABREVIATIONS :**

- 2D : 2 Dimensions.
- 3D : 3 Dimensions.
- ADN : Acide DésoxyriboNucléique.
- AHE : Adaptive histogram equalization.
- CNN : Convolutional Neural Network.
- CDF : Cumulative Distribution Function.
- DND : DEEP NETWORK DESIGNER
- FISH: Fluorescence In Situ Hybridization.
- IA : Intelligence Artificielle.
- IRM : Imagerie par Résonance Magnétique.
- JPG : Joint Photographic Group.
- JPEG: Joint Photographic Experts Group.
- MIAS : Mammographic Image Analysis Society
- PCR : Polymerase Chain Reaction.
- PNG : Portable Network Graphics.
- ReLU : Rectified Linear Unit.
- TDM : TomoDensitoMétrie.

# **LISTES DES FIGURES :**

## **CHAPITRE I**

<b>FIGURE I.1.</b> La division d'une cellule normale et d'une cellule cancéreuse.....	4
<b>FIGURE I.2.</b> Tumeur bénigne et tumeurs maligne.....	6
<b>FIGURE I.3.</b> Les foyers de maturation des cellules immunitaire.....	7
<b>FIGURE I.4.</b> Imagerie par échographie.....	10
<b>FIGURE I.5.</b> Principe de fonctionnement de l'imagerie par TDM.....	11
<b>FIGURE I.6.</b> Principe de fonctionnement d'un mammographe.....	12
<b>FIGURE I.7.</b> Principe de fonctionnement d'IRM.....	12
<b>FIGURE I.8.</b> Approche de réseaux de neurones.....	15

## **CHAPITRE II**

<b>FIGURE II.1.</b> Une image originale de MIAS et les parasites observés.....	20
<b>FIGURE II.2.</b> Extraction des propriétés d'une image dans un tableau en utilisant la commande « regionprops ».....	22
<b>FIGURE II.3.</b> Résultats d'application de filtre weiner sur une image floutée.....	25
<b>FIGURE II.4.</b> Image avant et après application de filtre CLAHE.....	26
<b>FIGURE II.5.</b> Image avant et après application de masque.....	27
<b>FIGURE II.6.</b> Architecture type d'un réseau de neurones.....	28
<b>FIGURE II.7.</b> Fonctionnement mathématique d'un neurone.....	29
<b>FIGURE II.8.</b> Démonstration de pas de déplacement d'un filtre convolutif.....	34
<b>FIGURE II.9.</b> Démonstration sur le fonctionnement d'un filtre de convolution.....	35
<b>FIGURE II.10.</b> Application d'un maxpooling sur une image.....	35
<b>FIGURE II.11.</b> Représentation de la fonction ReLU.....	36
<b>FIGURE II.12.</b> Connexions d'une fully-connected-layer dans un réseau de neurone.....	37

## CHAPITRE III

<b>FIGURE III.1.</b> Fenêtre APP DESIGNER vierge.....	41
<b>FIGURE III.2.</b> Interface de prétraitement.....	42
<b>FIGURE III.3.</b> Image obtenue dans le bouton de chargement.....	43
<b>FIGURE III.4.</b> Résultat après prétraitement.....	46
<b>FIGURE III.5.</b> Image après détection des contours.....	48
<b>FIGURE III.6.</b> Le masque de l'image et détection des contours de la tumeur .....	49
<b>FIGURE III.7.</b> Interface utilisateur de Deep Network Designer.....	50
<b>FIGURE III.8.</b> Courbes des performances d'un réseau de neurone convolutif.....	51
<b>FIGURE III.9.</b> Architecture de notre CNN.....	52
<b>FIGURE III.10.</b> Fenêtre des paramètres d'importation des données.....	54
<b>FIGURE III.11.</b> Courbe d'occurrence et de perte de l'entraînement de notre CNN.....	54
<b>FIGURE III.12.</b> Interface de détection et de classification.....	55
<b>FIGURE III.13.</b> Résultat de test de détection d'une tumeur maligne sur une image échographique.....	58
<b>FIGURE III.14.</b> Résultat de test de détection d'une tumeur bénigne sur une image échographique.....	58
<b>FIGURE III.15.</b> Résultat de test de détection bénigne d'une tumeur sur une image échographique.....	59
<b>FIGURE III.16.</b> Mauvais prétraitement.....	60
<b>FIGURE III.17.</b> Détection d'un faux contour tumoral.....	60

# **LISTES DES SCHÉMAS :**

## **CHAPITRE I**

**SCHÉMA I.1.** Approche de la classification des images médicales.....17

## **CHAPITRE II**

**SCHÉMA II.1.** Procédure d'analyse et de traitement de l'image.....21

## **CHAPITRE III**

**SCHÉMA III.1.** Représentation schématique du processus de prétraitement.....42

**SCHÉMA III.2.** Le processus d'obtention de l'image à traiter.....43

**SCHÉMA III.3.** Etapes de prétraitement de l'image.....44

**SCHÉMA III.4.** Filtres utilisés dans la détection des contours.....46

**SCHÉMA III.5.** Organigramme de la détection des tumeurs.....48

**SCHÉMA III.6.** Processus de classification tumorale.....56

**SCHÉMA III.7.** Processus de la détection du contour de la tumeur. ....57

## **INTRODUCTION GÉNÉRALE**

Le cancer est l'une des principales causes de morbidité et de mortalité dans le monde, touchant des millions de personnes chaque année.

Le cancer du sein est le plus diagnostiqué chez les femmes à l'échelle mondiale. Cette anomalie est une affection où les cellules mammaires se multiplient de manière inhabituelle. La propagation de ces cellules cancéreuses au tissu mammaire environnant (invasion) peut conduire à la formation de tumeurs qui se transforment en masses ou en épaissement ; il est à l'origine de près de 10 millions de décès en 2020 selon l'OMS, soit presque un décès sur six.

L'Algérie enregistre annuellement près de 50.000 nouveaux cas de cancer tous types confondus, selon les données du registre national des cancers relevant de l'Institut national de la santé publique (INSP). Le cancer du sein occupe la première position des formes de cancer les plus courantes. Chaque année, plus de 14.000 nouveaux cas sont enregistrés, et un pourcentage significatif de ces cas survient avant 40 ans [1].

La détection et le traitement rapide des cas permettent de réduire la mortalité liée au cancer. La détection précoce repose sur deux éléments : le diagnostic précoce et le dépistage qui reposent essentiellement sur l'imagerie numérique qui a révolutionné le domaine de la santé, permettant une représentation et une analyse approfondies des informations médicales. Cette transformation a permis de développer de nouvelles techniques de diagnostic et de traitement, ouvrant la voie à une médecine plus précise et personnalisée [2].

Cependant, malgré ces progrès significatifs, l'interprétation des images médicales reste un défi majeur. La résolution limitée des images, la présence d'artefacts et l'interprétation subjective des radiologues peuvent entraîner des erreurs de diagnostic [3]. La fatigue et la variabilité inter-observateurs contribuent également à la difficulté de détecter les anomalies, notamment les petites lésions, qui peuvent passer inaperçues ou être confondues avec le tissu normal [3].

Face à ces obstacles, l'IA s'impose comme une solution prometteuse pour améliorer la précision et la fiabilité des diagnostics [4]. L'IA, et plus particulièrement l'apprentissage automatique, offre des outils puissants pour analyser les données d'imagerie médicale et détecter des anomalies avec une précision accrue [5].

Les réseaux de neurones convolutifs (CNN), en particulier, se sont révélés particulièrement efficaces pour traiter les images médicales [6]. Ces algorithmes, inspirés du fonctionnement du cerveau humain, sont capables d'apprendre à partir de vastes ensembles de données d'images et d'identifier automatiquement des anomalies telles que les tumeurs, les fractures ou les signes précoces de maladies [6].

Ce mémoire vise à trouver une perspective pour la détection automatique des tumeurs et développer un modèle CNN pour la classification des régions tumorales sur des images médicales. Ce modèle permettra de distinguer les tumeurs bénignes des malignes, contribuant ainsi à l'amélioration des diagnostics et des traitements.

L'étude s'inscrit dans un contexte de recherche et d'innovation en IA appliquée à l'imagerie médicale. L'IA offre un potentiel considérable pour l'analyse d'images médicales et la détection précoce des pathologies.

Pour atteindre cet objectif, ce mémoire s'articule autour de trois chapitres :

- Le premier chapitre présente un aperçu général des tumeurs et de leurs caractéristiques. Il aborde les techniques de diagnostic, tant biologiques et radiologiques, et souligne le rôle croissant de l'IA dans la détection et la classification des tumeurs.
- Le deuxième chapitre décrit les bases de données d'images utilisées pour la formation du modèle. Il détaille les étapes de prétraitement des images, ainsi que les concepts fondamentaux des réseaux de neurones, en particulier les CNN.
- Le troisième chapitre présente l'environnement de travail et les interfaces utilisés pour le développement et l'évaluation du modèle. Il analyse les résultats obtenus avec le CNN et discute de ses performances en termes de précision et de fiabilité. Enfin, il explore les perspectives futures pour améliorer le modèle et ses applications cliniques.

La conclusion générale du mémoire résume les contributions principales et les résultats de l'étude, tout en ouvrant des pistes pour de futures recherches.

# **CHAPITRE I :**

APPROCHE GLOBALE DE LA  
DETECTION DES TUMEURS PAR  
L'INTELLIGENCE ARTIFICIELLE.

## **I.1. INTRODUCTION**

Le développement et la croissance d'un tissu ou d'un organe sont conditionnés par des processus complexes permettant la régulation des différentes étapes de la vie d'une cellule : la prolifération, la différenciation, la sénescence et la mort cellulaire programmée. Les anomalies de cette homéostasie, par augmentation de la prolifération et/ou diminution de la mort cellulaire, sont à l'origine de l'accumulation des cellules aboutissant à la formation d'une tumeur macroscopiquement visible.

Le terme « tumeur » signifie une prolifération cellulaire excessive aboutissant à une masse tissulaire ressemblant plus ou moins au tissu normal homologue, ayant tendance à persister et à croître, témoignant de son autonomie biologique [7].

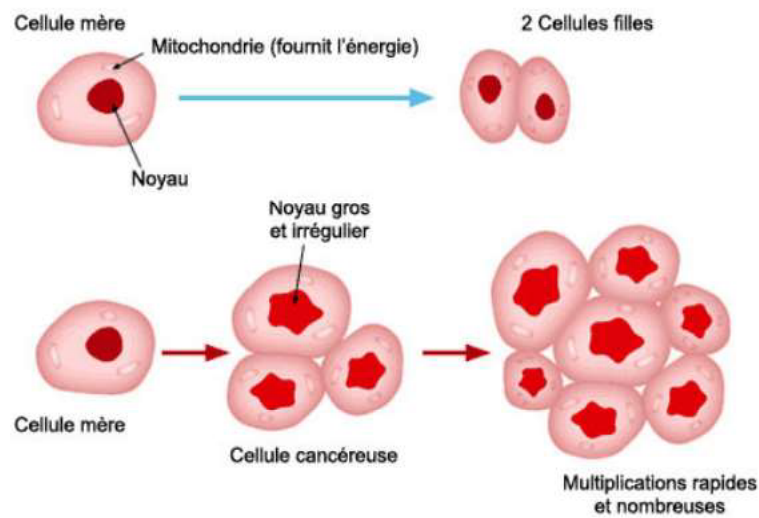
La classification des tumeurs est fondée sur leur organe ou tissu d'origine, leur type histologique, et leur degré de malignité.

Dans ce chapitre, nous explorons de manière succincte le processus de formation des tumeurs, ensuite nous abordons les méthodes de détection des tumeurs, à la fois sur le plan biologique et radiologique, en mettant en lumière les avancées technologiques qui permettent une identification précoce et précise des lésions tumorales. Enfin, nous analysons le rôle croissant de l'intelligence artificielle dans le domaine de la détection et de la classification des tumeurs, soulignant comment ces technologies innovantes peuvent améliorer la précision diagnostique et faciliter la prise en charge des patients atteints de cancer.

## **I.2. PHYSIOLOGIE DES TUMEURS**

### **I.2.1. La cellule cancéreuse**

La cellule cancéreuse est une entité biologique caractérisée par des altérations génétiques qui perturbent son cycle cellulaire normal et ses mécanismes de régulation. Ces altérations peuvent résulter de divers facteurs, tels que des mutations de gènes clés impliqués dans la croissance cellulaire la division et la mort cellulaire programmée, ainsi que des modifications de l'expression des gènes régulant ces processus [8].



**FIGURE I.1** la division d'une cellule normale et d'une cellule cancéreuse [9].

Les cellules cancéreuses se distinguent des cellules normales par plusieurs caractéristiques, notamment une prolifération cellulaire incontrôlée, une capacité à éviter la mort cellulaire programmée (apoptose), une propension à l'invasion des tissus environnants et à la formation de métastases, ainsi qu'une capacité à échapper à la reconnaissance et à l'élimination par le système immunitaire [8, 10].

Ces caractéristiques complexes et évolutives des cellules cancéreuses sont le résultat d'une série de mutations et d'adaptations acquises au cours du processus de cancérogenèse. Comprendre les mécanismes moléculaires et cellulaires sous-jacents à ces altérations est essentiel pour développer des stratégies thérapeutiques ciblées et personnalisées dans la lutte contre le cancer [10].

### **I.2.2. Évolution de la cellule cancéreuse à la formation de la tumeur**

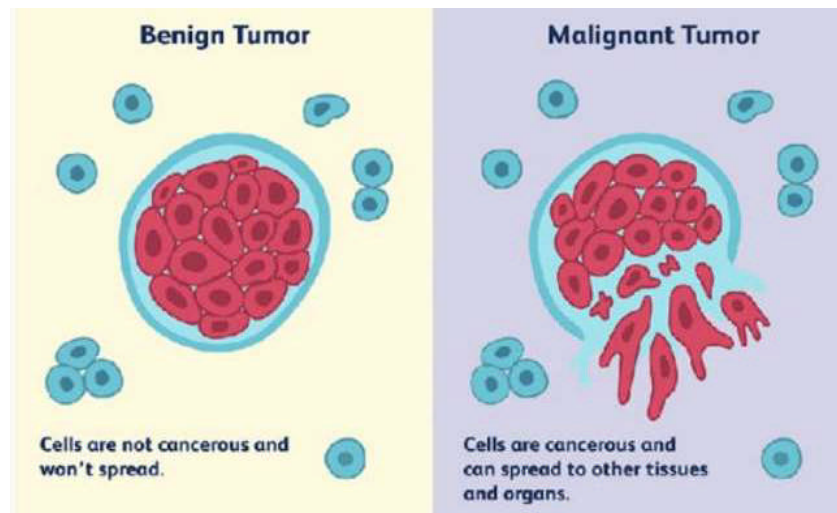
L'évolution de la cellule cancéreuse à la formation de la tumeur est un processus complexe qui a été largement étudié par la communauté scientifique. Des recherches ont montré que cette évolution implique une série d'événements moléculaires, cellulaires et tissulaires qui conduisent à la transformation des cellules normales en cellules cancéreuses et à la croissance tumorale.

Une tumeur est le résultat d'une altération des cellules qui deviennent anormales et se multiplient de manière excessive, formant éventuellement une masse connue sous le nom de tumeur (processus déjà illustré dans la FIGURE I.1). Ce processus débute par une altération majeure de l'ADN d'une cellule, entraînant sa transformation, suivie par une prolifération de ces cellules transformées, formant un groupe identique [11].

Des études ont identifié plusieurs mécanismes clés impliqués dans cette évolution, tels que les mutations génétiques, les altérations épigénétiques, la régulation du cycle cellulaire, l'angiogenèse (formation de nouveaux vaisseaux sanguins) et la communication cellulaire altérée. Ces mécanismes contribuent à la prolifération incontrôlée des cellules cancéreuses, à leur capacité d'invasion des tissus environnants et à la formation de la tumeur [12].

### **I.2.3. Type des tumeurs**

Les tumeurs sont généralement classées en deux grandes catégories : les tumeurs bénignes et les tumeurs malignes. Les tumeurs bénignes sont des masses de cellules anormales qui ne se propagent pas à d'autres parties du corps et qui sont généralement non menaçantes pour la vie. En revanche, les tumeurs malignes, également appelées cancers, sont des masses de cellules cancéreuses qui ont la capacité de se propager à d'autres tissus et organes, mettant ainsi en danger la vie du patient.



**FIGURE I.2** tumeur bénigne et tumeur maligne [13].

Les tumeurs malignes sont ensuite classées en fonction de leur origine tissulaire et de leur comportement biologique. Voici quelques types de tumeurs malignes courantes :

- **Carcinomes** : les carcinomes sont des tumeurs malignes qui se développent à partir des cellules épithéliales, qui sont les cellules qui recouvrent la surface des organes et des tissus du corps. Les carcinomes sont les types de cancer les plus courants, et on les retrouve dans des organes tels que la peau, les poumons, les seins et les intestins [14 ,15].
- **Sarcomes** : les sarcomes sont des tumeurs malignes qui se développent à partir des tissus mous, tels que les muscles, les os et les tissus conjonctifs. Les sarcomes sont moins courants que les carcinomes, mais ils peuvent être très agressifs [14, 15].
- **Lymphomes** : les lymphomes sont des tumeurs malignes qui se développent à partir des cellules du système lymphatique. Ils comprennent les lymphomes hodgkiniens et non hodgkiniens [14 ,15].
- **Leucémies** : les leucémies sont des cancers du sang qui se développent à partir des cellules souches hématopoïétiques dans la moelle osseuse. Elles entraînent une prolifération anormale de cellules sanguines dans la circulation sanguine [14, 15].

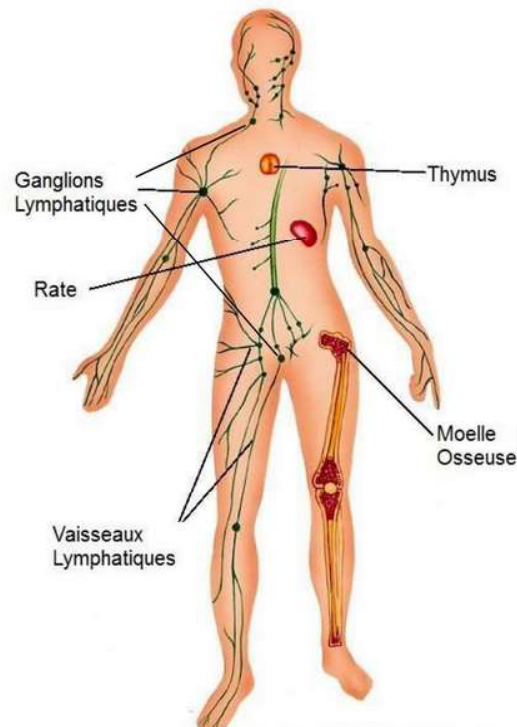
Il existe de nombreux autres types de tumeurs malignes, chacun ayant ses caractéristiques spécifiques en fonction de l'organe ou du tissu d'origine.

### **I.2.4. Le système immunitaire**

Toutes les cellules tumorales ne conduisent pas nécessairement à des cancers mettant en danger l'organisme. Le système immunitaire possède des armes spécialisées, appelées "cellules tueuses", qui sont aptes à repérer et éliminer les cellules anormales. C'est uniquement lorsque ces défenses immunitaires sont submergées que le cancer peut se développer.

Le système immunitaire est un regroupement complexe de cellules, de tissus, d'organes lymphoïdes et d'un réseau lymphatique. Sa principale fonction est de reconnaître, contrôler et éliminer les agents étrangers tels que les bactéries, les virus, ainsi que les cellules anormales, avant qu'ils ne causent des dommages à notre organisme.

Grâce au système immunitaire, la plupart des individus restent en bonne santé malgré les agressions répétées tant internes qu'externes [16].



**FIGURE I.3** Les foyers de maturation des cellules immunitaire [12].

Le système immunitaire orchestre une série de mécanismes de protection essentiels. D'une part, les défenses non spécifiques, caractérisées par des réponses inflammatoires, constituent la réponse immunitaire innée ou naturelle, avec la peau et les muqueuses agissant comme premières barrières de défense. D'autre part, les défenses spécifiques impliquent l'intervention ciblée des lymphocytes et la production ciblée d'anticorps [16].

Pour détecter les agents étrangers et les cellules anormales, y compris les cellules cancéreuses, le système immunitaire se base sur la reconnaissance des antigènes présents à la surface de toutes les cellules. Ces antigènes sont analogues à des cartes d'identité cellulaires, et en cas de non-reconnaissance, le système immunitaire réagit en générant ou en mobilisant des anticorps spécifiques. Chaque anticorps se lie de manière précise à un type d'antigène, agissant telle une clé unique pour une serrure donnée [16, 17].

Lorsque le système immunitaire identifie un antigène, il déclenche une réaction immunitaire visant à éliminer, rejeter ou repousser les cellules anormales, qu'elles soient tumorales ou non, ainsi que les agents étrangers. Cette réponse coordonnée assure la protection de l'organisme contre les dangers extérieurs et intérieurs [16, 17].

### **I.2.5. Les défis de l'immunité face aux cellules cancéreuses**

Le système immunitaire, bien qu'efficace dans la reconnaissance et l'élimination des cellules anormales, présente certaines limites lorsqu'il s'agit de lutter contre les cellules cancéreuses. Ces limites comprennent :

- **Échappement immunitaire** : Les cellules cancéreuses peuvent développer des mécanismes pour échapper à la détection par le système immunitaire, telles que la réduction de l'expression des antigènes ou l'activation de voies de signalisation inhibitrices [18, 19, 20].
- **Tolérance immunologique** : Les cellules cancéreuses peuvent induire une tolérance immunologique en modulant l'environnement autour d'elles pour éviter d'être attaquées par les cellules immunitaires [18, 19, 20].
- **Immunosuppression** : Les tumeurs peuvent induire une immunosuppression locale ou systémique, affaiblissant ainsi la réponse immunitaire dirigée contre elles [18, 19, 20].
- **Hétérogénéité tumorale** : Les cellules cancéreuses au sein d'une tumeur peuvent être très hétérogènes, ce qui peut rendre difficile pour le système immunitaire de cibler et d'éliminer toutes les cellules cancéreuses [18, 19, 20].
- **Fatigue immunitaire** : Une exposition prolongée à des antigènes tumoraux peut entraîner une fatigue immunitaire, affaiblissant ainsi la réponse immunitaire contre les cellules cancéreuses [18, 19, 20].

Ces limitations soulignent la complexité des interactions entre le système immunitaire et les cellules cancéreuses, et mettent en lumière les défis à surmonter pour développer des stratégies immuno-oncologiques efficaces.

### **I.3. MOYENS DE DIAGNOSTIC**

Le diagnostic des tumeurs repose sur une combinaison d'examens cliniques, biologiques et d'imagerie. Ces moyens permettent aux professionnels de la santé d'identifier avec précision la présence d'une tumeur, d'évaluer sa nature et son stade, et de proposer le traitement le plus approprié pour chaque patient.

#### **I.3.1. Moyens biologiques :**

Une prise de sang ou d'urine permet de mesurer des paramètres relatifs à l'état de santé général du patient, et de doser d'éventuels marqueurs tumoraux pouvant être utiles au diagnostic et/ou au suivi de certains cancers. Ces marqueurs sont généralement des molécules formées en petites quantités par des cellules normales mais qui se retrouvent produites en excès par les cellules tumorales [21].

Les tests moléculaires tels que les analyses chromosomiques, la fluorescence par hybridation in situ (FISH), la PCR et les antigènes de surface cellulaire (p. ex., dans les lymphomes, les leucémies, les cancers du poumon et digestifs) permettent de déterminer l'origine des cancers métastatiques, en particulier dans le cas des cancers dont l'origine du primitif est inconnue, ce qui peut être utile pour choisir le traitement. Et on trouve aussi les biopsies pour confirmer le diagnostic et le tissu d'origine est presque toujours nécessaire lorsqu'un cancer est suspecté [22].

#### **I.3.2. Moyens d'imagerie médical**

L'imagerie médicale est un ensemble de techniques permettant d'obtenir des images des parties internes du corps. Elles permettent aux médecins de vérifier la présence d'une tumeur, sa taille, sa forme, son activité métabolique et sa localisation exacte. Ces informations sont utiles pour définir les traitements à mettre en œuvre et pour évaluer si la chirurgie peut être proposée.

Parmi ces moyens on trouve :

### **I.3.2.1. L'échographie :**

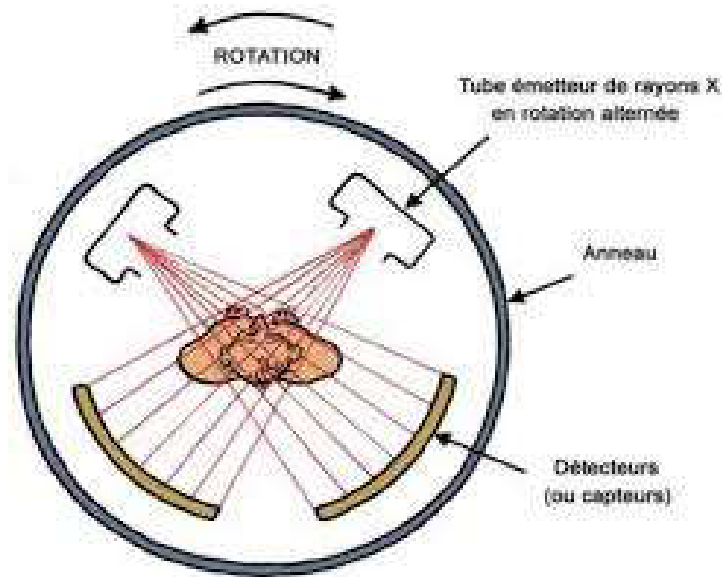
Il utilise les ultrasons. Ces ondes sont envoyées à travers la peau en direction de l'organe et sont réfléchies par les tissus qu'ils rencontrent et reviennent vers la sonde émettrice. Un traitement informatique traduit le temps mis pour parcourir cette distance en images, permettant d'obtenir une représentation indirecte de la région [23].



**FIGURE I.4.** Imagerie par échographie.

### **I.3.2.2. Le scanner ou le tomodensitomètre (TDM) :**

Il utilise des rayons X (figure I.5). La source de rayons bouge autour du patient pour conduire à l'obtention d'une série de plusieurs clichés représentant la zone scannée en coupe, sur différentes épaisseurs. Le scanner est donc souvent utilisé pour étudier une anomalie initialement détectée par radiographie standard ou par échographie [23].



**FIGURE I.5.** Principe de fonctionnement de l'imagerie par TDM.

### **I.3.2.3. La mammographie :**

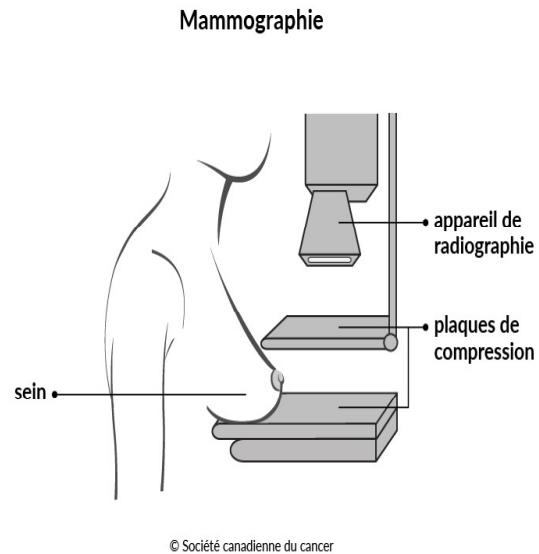
Moyen d'imagerie qui utilise aussi les rayons x afin de produire des images des tissus mammaires pour détecter des anomalies des seins. C'est l'examen le plus couramment utilisé pour le dépistage des cancers du sein.

Pour réaliser cet examen, on utilise un mammographe. Cet appareil se compose d'un générateur de rayons X et d'un système de compression du sein.

L'examen est réalisé en position debout, torse nu. Pour voir correctement les seins dans leur totalité, ils sont successivement comprimés entre deux plaques : cela permet de bien étaler le sein et d'éviter les superpositions des images (une compression insuffisante peut empêcher de détecter une anomalie) puis à les exposer à une faible dose de rayons X.

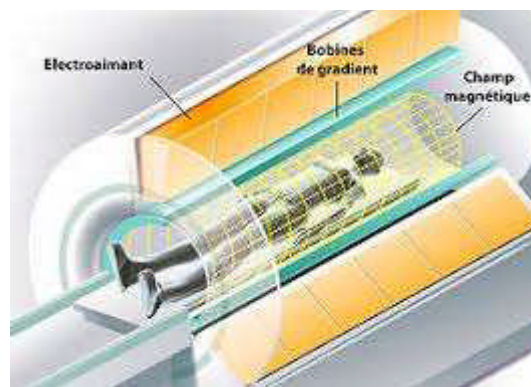
Les images de chaque sein sont prises sous des angles différents. [24]

**FIGURE I.6.** Principe de fonctionnement d'un mammographe.[25]



#### **I.3.2.4. L'imagerie par résonance magnétique nucléaire (IRM) :**

Il repose sur le fait que, soumis à un champ magnétique, les atomes d'hydrogène contenus dans les molécules d'eau de notre corps changent d'orientation puis reviennent à leur position initiale en émettant un signal électrique. La vitesse avec laquelle ces molécules reviennent à leur orientation naturelle est fonction de la densité des organes et des tissus qui composent le corps. Des détecteurs analysent les infimes champs électriques créés par ces atomes d'hydrogène et les utilisent pour recréer une image en 2D (une « tranche ») ou en 3D (en compilant les tranches) [23].



**FIGURE I.7.** Principe de fonctionnement d'IRM.

En outre de ces méthodes il existe le PET-scan (ou « TEP » pour tomographie par émission de positrons) et la scintigraphie qui visualisent le fonctionnement d'un organe en utilisant un produit faiblement radioactif, appelé « traceur ».

La TDM, PET et l'IRM, peuvent détecter des métastases au niveau du cerveau, du poumon, de la moelle épinière ou de l'abdomen, y compris les surrénales, les adénopathies rétropéritonéales, le foie et la rate. Elles sont principalement en niveaux de gris et peuvent être affichées sous différents angles. L'IRM (avec injection de gadolinium) est la technique de choix pour la détection et le bilan des cancers cérébraux.

L'échographie peut être utilisée pour l'étude du sein, de l'ovaire, de la cavité orbitaire, de la thyroïde, du cœur, du péricarde, du foie, du pancréas, des reins, testiculaire et des masses rétropéritonéales.

La scintigraphie peut identifier plusieurs types de métastases (cancer de la thyroïde par exemple). La scintigraphie osseuse permet d'identifier une activité osseuse anormale avant qu'elle ne soit visible sur les clichés Rx simples.

#### **I.3.2.5. Limites des techniques d'imagerie :**

Les techniques d'imagerie utilisées pour détecter les tumeurs présentent certaines limites, notamment [25, 26] :

- **Limites de résolution** : Certaines anomalies de petite taille peuvent ne pas être détectées en raison de la résolution limitée des techniques d'imagerie, ainsi les différences entre les appareils et les protocoles d'imagerie peuvent affecter la qualité et l'apparence des images, ce qui rend la détection des tumeurs plus complexe.
- **Limites de sensibilité** : Les images médicales peuvent aussi être affectées par divers types de bruits et d'artefacts, tels que le mouvement du patient, les artefacts métalliques, etc. Ce qui peut rendre difficile la distinction entre les tumeurs et le bruit. D'autant plus, les tumeurs à croissance lente ou les tumeurs de petite taille peuvent ne pas être détectées en raison de leur faible activité métabolique, ce qui peut limiter la sensibilité des techniques d'imagerie.
- **Faux positifs et faux négatifs** : Les techniques d'imagerie peuvent parfois produire des résultats incorrects, entraînant des faux positifs (détection erronée d'une tumeur) ou des faux négatifs (non-détection d'une tumeur existante).
- **Les tumeurs présentant des caractéristiques particulières** : telles que les tumeurs cérébrales infiltrantes, peuvent rendre l'interprétation des images médicales complexe.

Il peut exister des structures anatomiques similaires aux tumeurs, ce qui complique leur détection et peut rendre leur identification par imagerie plus difficile.

- **Limites liées à la localisation de la tumeur** : La localisation de certaines tumeurs dans des zones difficiles d'accès ou dans des tissus superposés peut rendre leur détection par imagerie plus complexe.

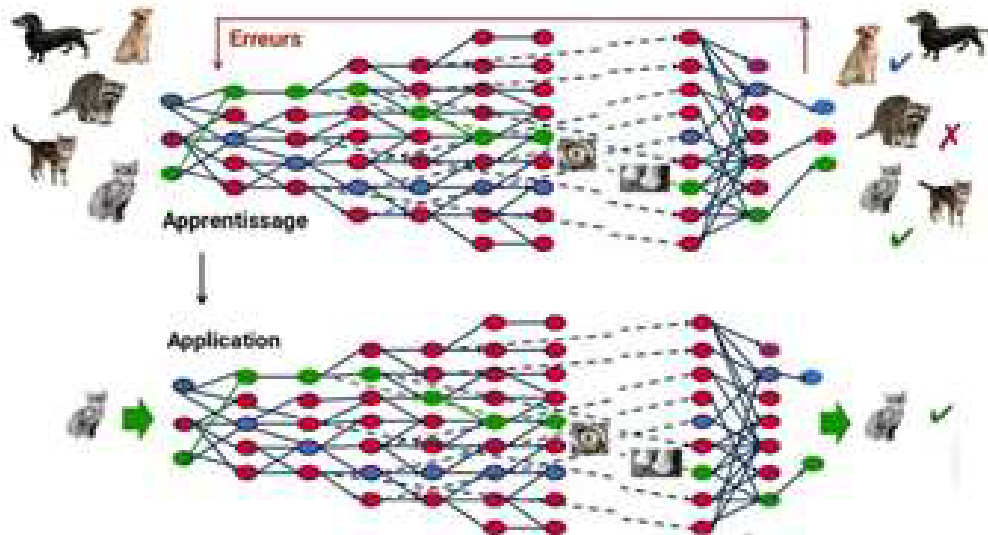
Ces limites soulignent l'importance d'une approche multidisciplinaire pour le diagnostic et le suivi des tumeurs, notre approche se concentre sur le développement de techniques d'apprentissage automatique avancées, telles que l'apprentissage profond, ainsi que sur l'intégration de l'expertise médicale dans la conception des algorithmes de détection des tumeurs.

#### **I.4. APPROCHE D'INTELLIGENCE ARTIFICIELLE EN IMAGERIE MEDICALE**

L'intelligence artificielle (IA) est un processus d'imitation de l'intelligence humaine qui repose sur la création et l'application d'algorithmes exécutés dans un environnement informatique dynamique. Son but est de permettre à des ordinateurs de penser et d'agir comme des êtres humains.

L'émergence de l'IA, dont les premiers concepts datent des années 1950 dans le domaine médical, est la conséquence de trois bouleversements radicaux : la numérisation des images médicales permettant leur paramétrage, le développement des algorithmes autorisant l'utilisation des données saisies en langage naturel, et l'apprentissage profond (deep learning) permettant à partir de données radiologiques massives de développer des algorithmes de traitement automatique d'images médicales [27].

L'intégration de l'IA en imagerie médicale pour la détection des tumeurs repose sur diverses approches avancées. L'une des méthodes les plus couramment utilisées est l'apprentissage profond, qui implique l'utilisation de réseaux de neurones profonds (figure I.8) pour analyser les images médicales et identifier les caractéristiques distinctives des tumeurs [25].



**FIGURE I.8 :** Approche de réseaux de neurones [27].

Ces modèles peuvent être entraînés à partir de vastes ensembles de données d'images pour améliorer la précision de la détection. De plus, la segmentation automatique des tumeurs est une autre application clé de l'IA en imagerie médicale, permettant une localisation précise des lésions et facilitant leur caractérisation [25, 28].

Les méthodes de segmentation sont diverses et dépendent en grande partie de la modalité d'imagerie et des caractéristiques propres aux structures que l'on souhaite segmenter et sont majoritairement basés sur 4 types d'approches [29] :

- **La proposition de régions de pixels** : méthode qui répond au besoin de la classification individuelle des pixels de l'image que suppose la détection d'objets. À partir d'un réseau de neurones convolutif (Convolutional Neural Network, CNN) un algorithme de proposition de régions est ajouté entre les couches d'extraction des caractéristiques de l'image et celles de classification de l'image.
- **L'étape unique avec une classification/régression globale de l'image** : analyser directement l'image par un CNN pour extraire les boîtes englobantes des objets détectés, et les classer. Ils sont majoritairement utilisés pour la détection d'objets en temps réel
- **La représentation latente** : utilisés pour la segmentation de région d'intérêt.
- **Les cartes visuelles de saillance (visual saliency maps)** : cette dernière est moins couramment utilisée car elle n'utilise pas les réseaux de neurones profonds comme architecture mais convient bien à la modélisation de l'attention visuelle. [30]

L'utilisation de l'IA ne s'arrête pas là, elle peut également être employée dans le recalage entre les images. Lorsqu'un même patient réalise plusieurs clichés de modalités différentes, le radiologue doit toutes les interpréter et il peut être difficile de se repérer. Alors, une IA peut lancer une analyse automatique entre deux modalités différentes : il est ainsi possible de savoir quel pixel d'une image d'une IRM correspond à quel pixel de celle d'un scanner [31].

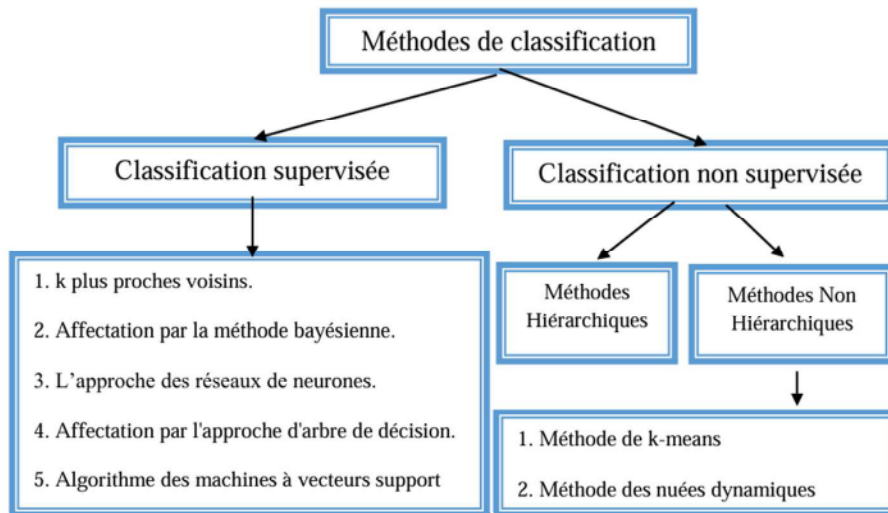
L'IA peut également être utilisée lors de la reconstruction de l'image afin de réduire au maximum le bruit et les artéfacts qui peuvent parasiter le signal facilitant le travail dans le domaine spectral. Pour cela, des transformations de Fourier sont réalisées et des fréquences sont ainsi obtenues. L'IA s'appuie sur une base de données remplies d'images bruitées avec des artéfacts récurrents et est entraînée pour les reconnaître via leurs fréquences [31].

## **I.5. LA CLASSIFICATION DES IMAGES MEDICALES**

La classification consiste à regrouper les images dans une ou plusieurs classes homogènes (catégorie) où chaque classe rassemble des images ayant des caractéristiques aussi similaires que possible et les classes obtenues doivent être aussi distinctes que possible. La loi de catégorisation peut être conçue en utilisant une ou plusieurs caractéristiques spectrales ou texturales.

Il existe deux principaux types de classification : « supervisées » et « non supervisées ».

Le schéma suivant résume ces deux moyens de classification [32] :



**SCHÉMA I.1** : Approche de la classification des images médicales. [32].

➤ **Méthodes supervisées :**

La classification supervisée est un traitement basé sur la connaissance préalable des classes présentes dans l'observation. Par conséquent, elle nécessite une phase d'apprentissage. Le but de cette classification est de concevoir une machine capable d'affecter toute observation inconnue à une classe déjà connue.

➤ **Méthode non supervisée :**

Le but de la classification non supervisée est de détecter des groupes ou des catégories dans la base d'apprentissage sans aucune connaissance au préalable des classes. Par conséquent, il nécessite moins d'entrées initiales.

## **I.6. CONCLUSION**

Avec le développement technologique, les appareils médicaux fournissent la plupart de temps des images numériques qui peuvent subir des traitements afin de faciliter le diagnostic du médecin.

L'intelligence artificielle joue un rôle croissant dans la détection des anomalies dans l'imagerie médicale, révolutionnant la manière dont les images médicales sont acquises, interprétées et utilisées pour les traitements ou les diagnostics (spécialement la détection et la classification des tumeurs) ;

Nous avons présenté dans ce chapitre des notions générales sur la physiologie des tumeurs et leur détection surtout en utilisant les techniques d'imagerie médicale qui sont multiples, basées sur différents types de rayonnements et phénomènes physiques soit l'échographie qui utilise les ultrasons, la mammographie ou la TDM qui utilise les rayons X ou bien l'IRM qui exploite le phénomène de résonance magnétique des atomes pour détecter les diverses anomalies qui peuvent atteindre le corps humain.

Mais tel que soit le pouvoir de détection des ces techniques surtout des tumeurs, ces méthodes restent sensibles devant les bruits et les artefacts ce qui entraîne soit une fausse détection ou une non détection d'une tumeur ; d'où vient l'importance de développer des techniques d'apprentissage automatiques avancés tel que l'apprentissage profond qui implique l'utilisation des réseaux de neurones pour analyser les images médicales afin de détecter les anomalies et de les classer augmentant ainsi la précision des diagnostics et améliorant la qualité des traitements.

**CHAPITRE II :**  
**PRÉTRAITEMENT ET**  
**ANALYSE DES DONNÉES**  
**DE L'IMAGE MÉDICAL**

## **II.1. INTRODUCTION**

Le cancer du sein est une maladie caractérisée par la croissance incontrôlée de cellules mammaires anormales qui forment alors des tumeurs. Si rien n'est fait, les tumeurs peuvent se propager dans l'organisme et avoir une issue fatale.

Selon L'Organisation Mondiale de la Santé le cancer du sein a provoqué 670 000 décès dans le monde, en 2022, et qu'environ la moitié des cancers du sein apparaissent chez des femmes qui ne présentent aucun facteur de risque spécifique autre que le sexe et l'âge d'où l'intérêt de dépistage précoce. [33]

Notre étude se concentre sur ce type spécifique de tumeur, en utilisant des images échographiques et mammographiques [34] comme base d'analyse.

L'objectif principal est double : localiser précisément la zone tumorale et déterminer sa nature grâce à l'intelligence artificielle ; plus particulièrement en employant les réseaux de neurones.

Pour mener à bien ce projet, nous avons exploité les capacités du logiciel MATLAB. Nous avons conçu des interfaces utilisateur à l'aide d'App Designer, un environnement de développement intégré dans MATLAB qui facilite la création d'applications interactives en combinant la conception visuelle et la programmation fonctionnelle.

La phase de classification des tumeurs repose sur un réseau de neurones élaboré via Deep Network Designer, un autre outil puissant de MATLAB. Cette approche nous permet d'intégrer des techniques avancées d'apprentissage profond dans notre processus d'analyse et de diagnostic.

## **II.2. OBTENTION DES IMAGES**

Notre étude s'appuie sur une base de données primaire composée d'images échographiques mammaires, spécifiquement axées sur la détection du cancer du sein.

Cette collection, constituée en 2018, englobe un échantillon diversifié de 600 patientes, dont l'âge varie de 25 à 75 ans.

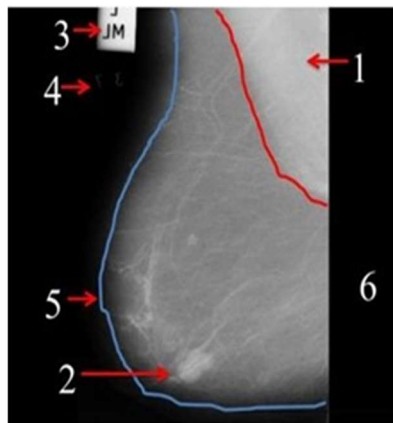
Le corpus comprend un total de 780 clichés échographiques, chacun présentant une résolution moyenne de 500x500 pixels et sauvegardé au format PNG et pour permettre une classification précise, les images ont été catégorisées selon trois groupes distincts :

- ✓ Images normales : représentant des tissus mammaires sans anomalie détectée
- ✓ Images bénignes : montrant des lésions non cancéreuses
- ✓ Images malignes : révélant la présence de tumeurs cancéreuses

Cette structure tripartite offre une base solide pour l'analyse différentielle et l'entraînement d'algorithmes de détection automatisée, permettant ainsi une approche nuancée dans l'étude et le diagnostic du cancer du sein. [35]

Et la seconde source de données exploitée dans notre étude provient d'un corpus mammographique établi par la Mammographic Image Analysis Society (MIAS). Cette organisation, composée de groupes de chercheurs britanniques spécialisés dans l'interprétation des mammographies, a constitué une base de données numérique exhaustive.

Ce répertoire se distingue par sa collection de 322 clichés mammographiques numérisés en niveaux de gris (FIGURE II.1), découpée afin que toutes les images soient en 1024x1024 pixels et comprenant les marques « de vérité » du radiologue sur les emplacements de toute anomalie pouvant être présente garantissant ainsi une cohérence optimale pour l'analyse. [36].



**FIGURE II.1.** Une image originale de MIAS et les parasites observés [37] :

1. Muscle pectoral
2. Tumeur
3. Forte intensité
4. Faible intensité
5. Sein
6. Arrière-plan

Les images de la base de données MIAS requièrent une phase préparatoire avant leur analyse principale. Ce prétraitement se concentre sur :

- ✓ Ajustement de la résolution : Une harmonisation de la définition des images est nécessaire pour garantir une qualité d'analyse uniforme et optimale.
- ✓ Épuration des éléments non pertinents : Il est impératif d'isoler et d'éliminer les zones de l'image qui ne contribuent pas à la détection tumorale. Ces éléments,

tels que les tissus musculaires ou les étiquettes d'identification, pourraient autrement interférer avec l'analyse et conduire à des erreurs de diagnostic.

Cette étape préliminaire est fondamentale pour affiner la précision du processus de détection des tumeurs. En se focalisant uniquement sur les régions d'intérêt mammaire, on réduit considérablement le risque de faux positifs et on améliore la fiabilité globale de l'analyse automatisée.

Pour ce faire, nous avons développé une interface sur APP DESIGNER composés de quatre boutons ; chacun associé à un programme spécifique déclenché par un simple clic et l'image résultante s'affiche dans un système d'axes dans la même interface.

Le prétraitement est fait selon le schéma suivant :

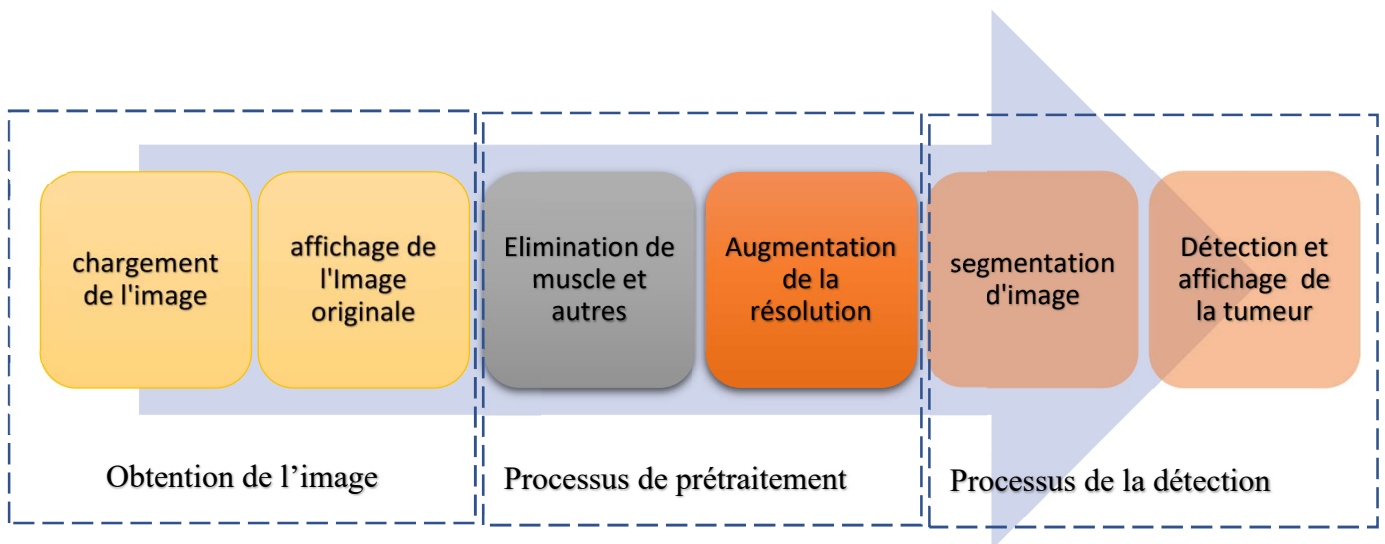


Schéma II.1. Procédure d'analyse et de traitement de l'image.

## II.3. PROCESSUS DE PRETRAITEMENT

### II.3.1. Délimitation de sein et élimination des parasites :

Pour éliminer les parasites des images mammographiques on fait recours à plusieurs fonctions de traitement d'image.

Initialement transformer l'image originale (en niveau de gris) en image binaire ce qui réduit la complexité de nos images, éliminer le bruit de faible intensité et facilite l'extraction des caractéristiques morphologiques comme la forme, la taille, ou l'orientation des objets, cela

afin d'extraire les propriétés des régions d'intérêt (forte intensité) dans l'image (centre de masse et l'aire), selon les formules suivantes [38] :

- **Aire** : La somme de tous les pixels dans la région :

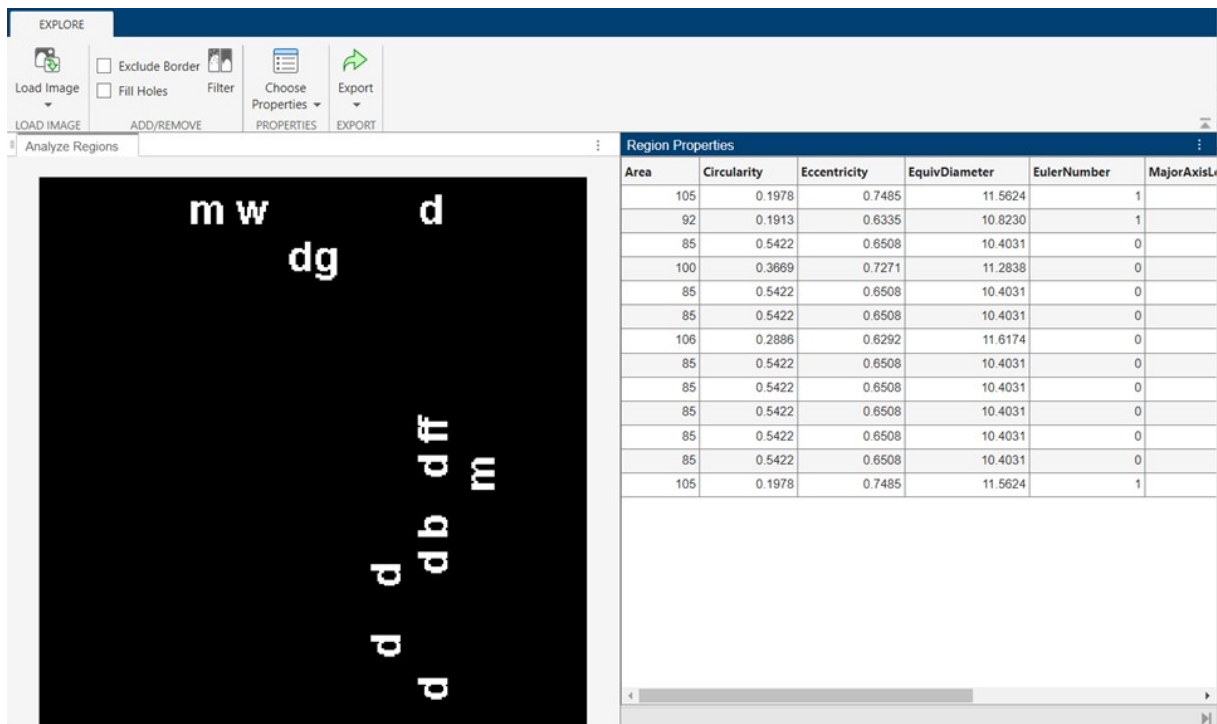
$$\text{Aire} = \sum_{(x,y) \in \text{région}} \dots (\text{II.1})$$

- **Centroïde** : Le centre de masse de la région désigne les coordonnées de chaque pixel de la région par rapport au nombre total de pixels.

$$\text{Centroid } x = \frac{\sum_{(x) \in \text{region}}}{\text{aire}} \quad \text{Centroid } y = \frac{\sum_{(y) \in \text{region}}}{\text{aire}} \dots (\text{II.2})$$

Puis créer un tableau qui contient toutes les aires des régions d'intérêt de cette image pour choisir la plus grande d'entre elles et sélectionner le centre de masse correspondant à cette région.

Pour bien illustrer cette étape qui extrait les propriétés de ces régions nous allons l'appliquer sur une image noir contenant des lettres blanches et faire extraire ses propriétés dans un tableau (FIGURE II.2) ;



**FIGURE II.2.** Extraction des propriétés d'une image dans un tableau en utilisant la commande « regionprops ».[38]

Revenant à notre travail, alors quand la ou les régions d'intérêt sont sélectionnés ceux-ci vont être maintenu à « 1 » avec une connectivité à 8 voisins pour déterminer quels pixels font partie

de la région (l'étiquette forme une forte intensité) tandis que le reste de l'image, ses pixels se convertissent à « 0 » et ainsi nous pouvons éliminer l'étiquette qui est sur l'image.

Il restera une partie du muscle pectoral apparente sur l'image mammographique et qui peut induire facilement notre réseau en erreur donc on doit aussi l'éliminer.

Pour ce faire, on applique une opération de seuillage automatique adaptatif, qui permettra de séparer les objets du fond, avec la méthode d'OTSU qui minimise la variance intra-classe recherchée à partir de tous les seuillages possibles selon la formule suivante [39] :

$$\sigma_w^2(t) = \omega_1(t)\sigma_1^2(t) + \omega_2(t)\sigma_2^2(t) \dots (II.3)$$

Avec :  $t$  est le seuil testé

$\omega_i(t)$  sont les probabilités des deux classes séparées par le seuil  $t$   
et  $\sigma_i^2(t)$  sont les variances de ces classes.

Puis calculer le rapport entre le nombre total de pixels activés dans ces deux dernières images obtenues et prendre le minimum de ce rapport. Si ce ratio est supérieur ou égal à 1 les deux images seront fusionnées sinon on calcule un nouveau ratio jusqu'à isoler seulement la partie dont nous avons besoin dans l'image et donc éliminer la zone musculaire.

### **II.3.2. Modifier la résolution**

Pour améliorer la résolution et éliminer encore les bruits, si l'en existe, on applique un ensemble de filtres sur nos images.

Nous allons alors utiliser un filtre moyenneur de taille 3x3 qui doit être appliqué sur l'image déjà binarisé. Ce type de filtre est appelé filtre de convolution ou noyau de lissage et est utilisé pour lisser l'image afin d'améliorer les performances de l'algorithme de détection utilisé par la suite car il aura moins de bruits et d'artefacts à traiter.

Ce filtre donc remplace chaque pixel par la moyenne pondérée de ses voisins. La matrice de poids pour un filtre moyenneur 3x3 est :

$$\frac{1}{9} \begin{pmatrix} 1 & 1 & 1 \\ 1 & 1 & 1 \\ 1 & 1 & 1 \end{pmatrix}$$

Mais parmi les autres effets de ce filtre moyenneur il existe l'effet flou qui atténue des détails trop précis qui peuvent compromettre la lisibilité des informations par notre algorithme de détection. Alors on applique la déconvolution de Wiener à l'image résultante.

Dans notre cas l'image a été floutée par un noyau de convolution donc le modèle de dégradation de ce dernier filtre serait ce noyau.

La formule mathématique de ce filtre est la suivante [40] :

$$g(x)=(f*h)(x)+n(x) \dots (II.4)$$

Avec :

- \* désigne la convolution,
- $g(x)$  est l'image observée,
- $f(x)$  est l'image originale,
- et  $h(x)$  est le noyau de flou et  $n(x)$  est le bruit ajouté.

Et sa formule en domaine fréquentiel est donnée par [40] :

$$F(u)=\frac{H^*(u)}{|H(u)|^2+\frac{S_n(u)}{S_f(u)}}G(u) \dots(II.5)$$

Où :

- $F(u)$  est l'image restaurée dans le domaine fréquentiel.
- $H(u)$  est la transformée de Fourier du noyau de flou  $h(x)$
- $S_n(u)$  est la densité de puissance du bruit dans le domaine fréquentiel.
- $S_f(u)$  est la densité de puissance du signal original dans le domaine fréquentiel.
- $G(u)$  est la transformée de Fourier de l'image observée  $g(x)$ .
- $H^*(u)$  est le complexe conjugué de  $H(u)$ .

La figure ci-dessous (FIGURE II.3) illustre les résultats de ce filtre dans la récupération des informations : à gauche l'image originale, au milieu l'image flouté et à droite l'image récupéré après l'application de filtre Weiner :



**FIGURE II.3.** Résultats d'application de filtre weiner sur une image floutée [41]

L'amélioration de contraste fait aussi partie des étapes de prétraitement afin de répartir de manière plus uniforme les intensités des pixels dans différentes parties de l'image.

On utilise le filtre CLAHE qui applique l'égalisation d'histogramme adaptative (AHE) à l'image qui consiste à appliquer une transformation sur chaque pixel, et donc obtenir une nouvelle image à partir d'une opération indépendante sur chacun des pixels. Cette transformation est construite à partir de l'histogramme cumulé de l'image de départ.

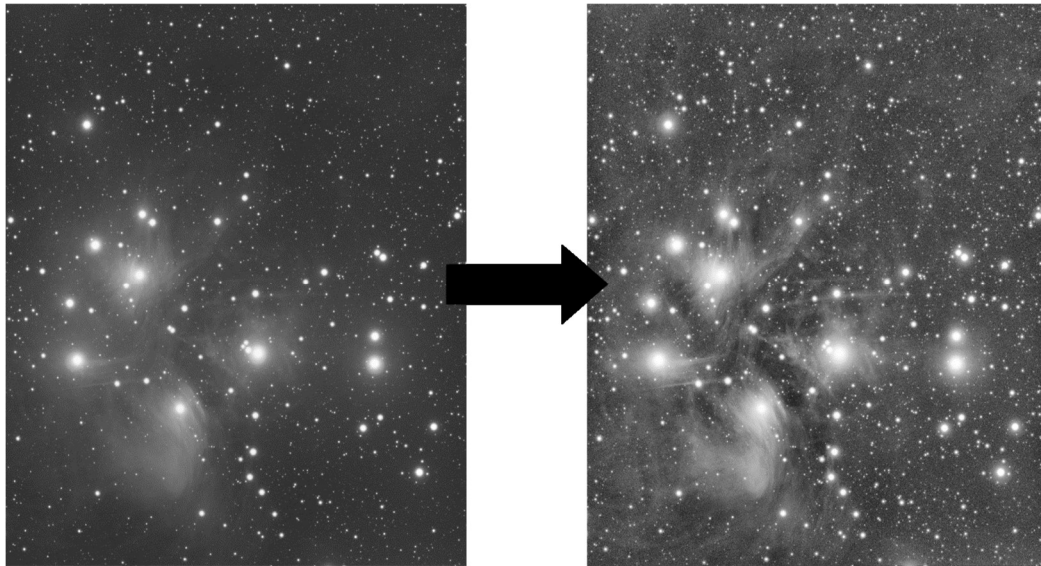
Cette AHE se produit ainsi [42] :

- L'image est divisée en petits blocs ou régions, appelés tuiles T ;
- Puis calculer l'histogramme des intensités de pixel pour obtenir la fonction de distribution cumulée (CDF) selon la formule suivante :

$$CDF(i) = \frac{\sum_{j=0}^i h_T(j)}{N} \dots (II.6)$$

Où  $h(j)$  est le nombre de pixels avec l'intensité  $j$  contenu dans la tuile T, et N est le nombre total de pixels dans la tuile

- Les bords des régions seront fusionnés pour obtenir une transition fluide entre les zones traitées différemment. La figure II.4 illustre le résultat d'application de ce filtre sur une image ;



**FIGURE II.4.** Image avant et après application de filtre CLAHE [43]

#### **II.4. DETECTION DES CONTOURS DE LA TUMEUR**

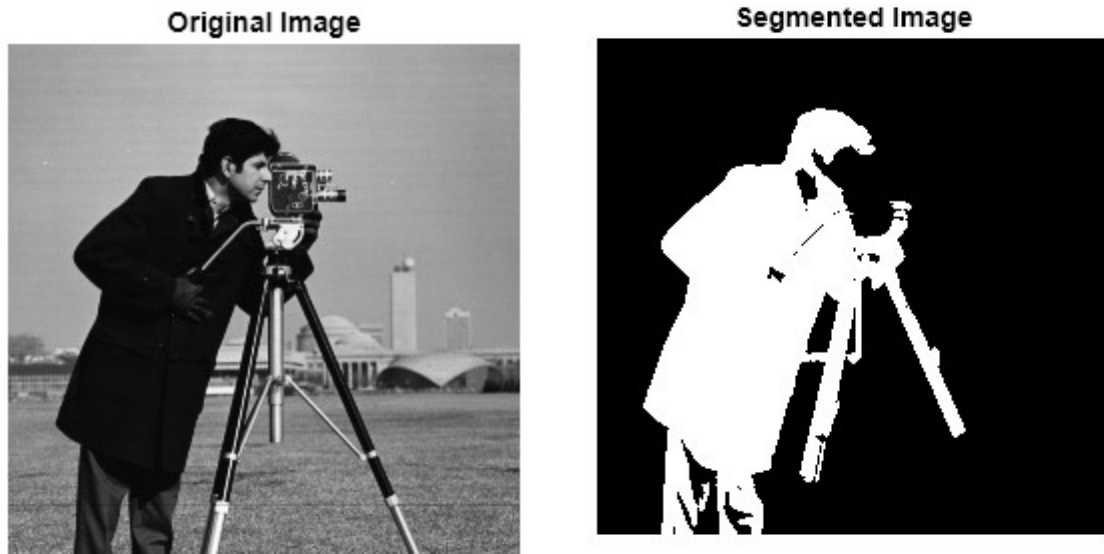
Cette approche est basée sur des techniques classiques de traitement d'image.

L'avantage de cette approche est qu'elle repose sur des principes mathématiques et de traitement du signal bien établis, offrant un contrôle précis sur chaque étape du processus de détection de la tumeur. De plus, elle peut être facilement adaptée à différents types d'images médicales en ajustant juste les paramètres des différents filtres et algorithmes utilisés.

La région tumorale généralement correspond à une masse dense donc en analysant les propriétés des régions de l'image on extrait la région dont la solidité est grande (cette dernière étant définis comme le ratio entre l'aire de la région segmentée et l'aire de son enveloppe convexe) ce qui veut dire que cette région segmentée est dense, régulière et sans trous, et donc elle est potentiellement la région tumorale dans l'image.

Et pour bien identifier les contours de cette région présumé tumorale on crée un masque binaire pour l'image où les pixels appartenant à la région de tumeur ont la valeur 1 (blanc) et les autres pixels ont la valeur 0 (noir). [44]

Pour comprendre cette étape on utilise une image (FIGURE II.5) qui représente un photographe dont le masque utilisé l'a juste isolé ; donc les pixels de la silhouette de photographe sont mis à 1 et le reste de l'image est mise à 0.



**FIGURE II.5.** Image avant et après application de masque.[44]

Et pour finir on a juste à tracer les contours des régions détectées comme des tumeurs en identifiant les points de bordure dans l'image (un point est considéré comme un point de bordure s'il appartient à une région d'objet et a au moins un voisin qui appartient au fond). Et par la suite les assembler pour former des contours continus en utilisant l'algorithme de Moore-Neighbor qui suit donc le contour en se déplaçant de pixel en pixel selon les voisins et revient au pixel de départ pour former une boucle complète.

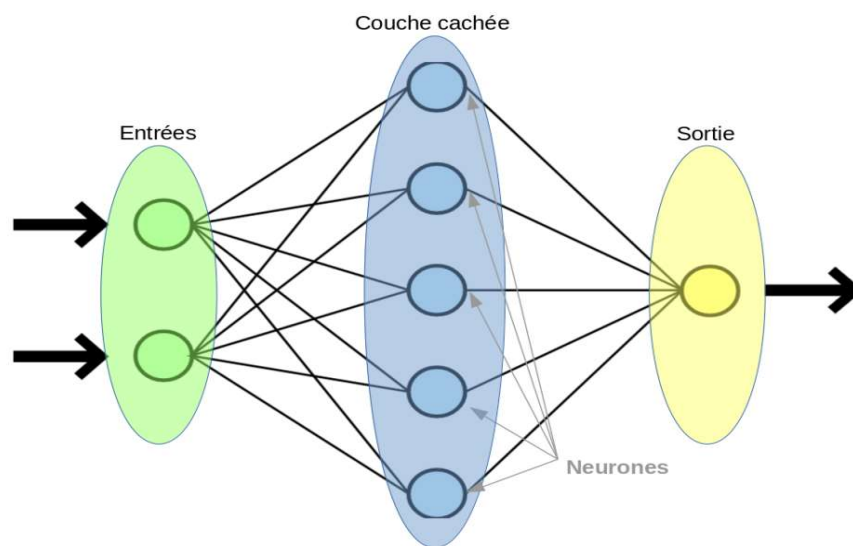
Et ainsi on aura délimité notre région supposée tumorale.

## **II.5. DEEP LEARNING ET RÉSEAU DE NEURONE**

Le Deep Learning est un domaine spécialisé de l'intelligence artificielle qui utilise des réseaux de neurones artificiels complexes et multicouches pour traiter des problèmes simples et complexes. Cette approche permet aux modèles informatiques d'analyser et d'interpréter de grandes quantités de données sans intervention humaine directe. En s'entraînant sur ces vastes ensembles de données, les systèmes de Deep Learning développent la capacité de réaliser des tâches avancées dans divers domaines, notamment l'analyse et la reconnaissance d'images, la production de textes, la traduction entre différentes langues, l'identification et la catégorisation de sons...

Un réseau de neurones est un modèle mathématique, inspiré du fonctionnement du cerveau humain, composé de plusieurs couches de neurones interconnectés. Chaque neurone reçoit des entrées, effectue une opération mathématique et envoie les résultats à d'autres neurones. [45]

Chaque nœud se connecte à un autre et possède un poids et un seuil associés. Si la sortie d'un nœud individuel est supérieure à la valeur de seuil spécifiée, ce nœud est activé, envoyant les données à la couche suivante du réseau. Dans le cas contraire, aucune donnée n'est transmise à la couche suivante. L'image suivante représente l'architecture type d'un réseau de neurones.



**FIGURE II.6.** Architecture type d'un réseau de neurones [46].

## **II.5.1. Composants d'un réseau de neurone**

### **II.5.1.1 Couche d'entrée :**

La structure de la couche d'entrée d'un réseau de neurones est conçue pour s'adapter spécifiquement à la nature des données traitées (images, texte, son, ou autres formes d'information) et à l'objectif du modèle. Sa composition varie selon le type de problème à résoudre.

Prenons l'exemple de la reconnaissance d'images : pour les images en couleur la couche d'entrée pourrait avoir trois canaux, correspondant aux composantes rouge, vert et bleu (RVB) et chaque neurone représenterait l'intensité d'une couleur pour un pixel donné par contre pour les images

en noir et blanc un seul canal suffirait, représentant l'intensité lumineuse de chaque pixel (valeurs de gris des pixels).[47]

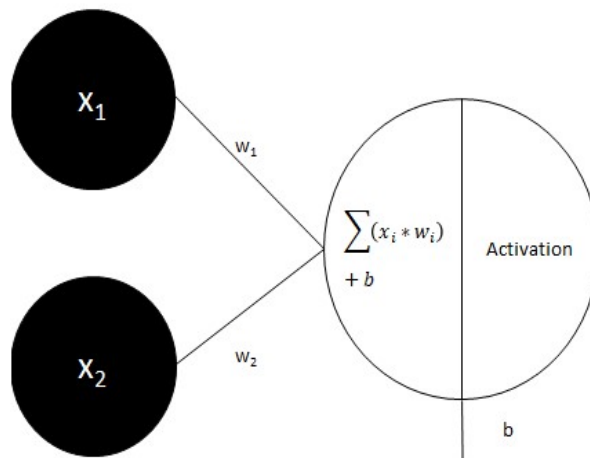
### II.5.1.2 Couches cachées :

Ces couches transforment progressivement les données d'entrée en représentations de plus en plus abstraites, les premières couches détectent des caractéristiques simples et les couches suivantes combinent ces caractéristiques pour former des concepts plus complexes

Le nombre de ces couches varie en fonction du contexte mais aussi de la puissance de calcul disponible pour entraîner et utiliser le réseau. C'est la même chose pour le nombre de neurones par couches.

Tous les neurones de la (ou des) couche(s) cachée(s) se décomposent comme suit :

- La formule de pré-activation qui multiplie les  $x$  (valeur de l'entrée) avec les  $w$  (son poids) et additionne les résultats obtenus, puis ajoute un biais qui est un paramètres additionnels utilisés dans les réseaux de neurones pour ajuster les valeurs d'entrées auxquelles les poids ont été appliqués (illustré ci-dessous) [48]

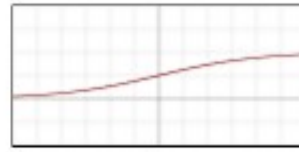


**FIGURE II.7.** Fonctionnement mathématique d'un neurone [48].

- Et la formule d'activation qui change en fonction du contexte, du cas d'usage concerné par le réseau. Voici les principales formules d'activation utilisées :

(a) La fonction sigmoïde :

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



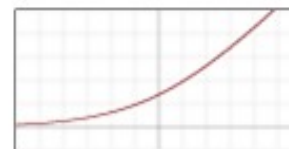
(b) La fonction de rectification linéaire unitaire (ReLU) :

$$f(x) = \begin{cases} 0, & \text{si } x < 0 \\ x, & \text{si } x \geq 0 \end{cases}$$



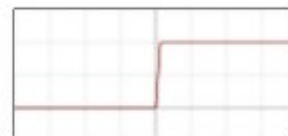
(c) La fonction de rectification linéaire douce (SoftPlus) :

$$f(x) = \ln(1 + e^x)$$



(d) La fonction « Marche/Heaviside »

$$f(x) = \begin{cases} 0, & \text{si } x < 0 \\ 1, & \text{si } x \geq 0 \end{cases}$$



### II.5.1.3 Couches de sortie

La couche de sortie d'un réseau de neurone possède une structure flexible, adaptée à la tâche spécifique du réseau. Le nombre de neurones dans cette couche varie selon les besoins du problème à résoudre. Bien que ces neurones partagent des similitudes de fonctionnement avec ceux des couches cachées, leur comportement peut différer légèrement :

Dans certains cas, seule la fonction de pré-activation est utilisée, produisant une sortie directe sans transformation supplémentaire et plus fréquemment, le processus complet est appliqué, impliquant à la fois la fonction de pré-activation et la fonction d'activation. Cette approche permet une transformation plus élaborée des données avant la production du résultat final.

Ce mécanisme offre une flexibilité permettant au réseau de s'adapter à divers types de problèmes et de produire des sorties appropriées selon le contexte de l'application.[49]

### **II.5.2. Entraînement de réseau**

Pour entraîner notre modèle, c'est-à-dire trouver les poids adaptés, qui minimisent la fonction d'erreur il est nécessaire de définir d'abord cette fonction ( $J(w)$ ), qui va quantifier l'erreur de notre modèle. En d'autres termes, il s'agit de trouver les paramètres optimaux du modèle qui permettront de réduire au maximum l'écart entre les prédictions du modèle et les étiquettes réelles des données.

Le Deep Learning utilise principalement la descente de gradient pour ajuster ses poids de façon à minimiser la fonction de perte.

La descente de gradient consiste initialement à choisir des poids aléatoires, avec lesquels le signal d'entrée sera propagé en avant tout au long de réseau. Autrement dit, la propagation vers l'avant se calcule à l'aide de la fonction de pré-activation, d'activation et des poids initiés.

Lorsque cette propagation est terminée, on obtient à la sortie un résultat  $Y$  et on calcule l'erreur entre ce résultat obtenu et le résultat désiré.

Ensuite on propage l'erreur vers l'arrière, qui est l'inverse du gradient à chaque itération, selon la formule suivante [50] :

$$W_{i+1} = W_i - \eta \cdot \frac{\partial J}{\partial W} \quad \dots(\text{II.7})$$

Avec :

- $W_t$  : les paramètres de notre modèle
- $\eta$  : pas du gradient, autrement dit, la vitesse d'apprentissage
- $J$  : fonction de perte

Le pas de gradient ne doit pas être trop grand ou trop petit pour que l'algorithme puisse converger vers une solution satisfaisante.

Les réseaux de neurones artificiels ont besoin de cas réels servant d'exemples (données d'entrée) pour leur apprentissage on appelle cela la base d'apprentissage. Ces cas doivent être d'autant plus nombreux que le problème est complexe et que sa topologie est peu structurée. Néanmoins tous les cas de figures de cette problématique peuvent ne pas être tous programmés si la base utilisée contient une très grande quantité de cas pouvant aller jusqu'à plusieurs millions alors, le système informatique crée ses propres algorithmes, ce qui met en évidence des capacités d'apprentissage de la machine. Durant cet apprentissage, des taux de réussite sont définis. Ils correspondent au pourcentage de bonnes réponses données par le système pour une problématique [49].

### **II.5.3. Types de réseaux de neurones**

Les réseaux neuronaux peuvent être classés en différents types utilisés à des fins différentes. Les réseaux neuronaux ci-dessous sont représentatifs des types les plus courants [51] :

- **Réseaux FeedForward** : ce sont la forme la plus simple de réseaux de neurones. L'information y circule dans une seule direction, de l'entrée vers la sortie, sans boucle. Ils sont souvent utilisés pour des tâches de classification simples par exemple catégoriser des emails en "urgent", "important", "secondaire" ou "spam" basé sur le contenu du texte.
- **Les réseaux de neurones récurrents (RNN)** : Ils sont identifiés par leurs boucles de rétroaction (prendre en compte non seulement l'entrée actuelle mais aussi les entrées précédentes, leur permettant de se souvenir d'informations d'une étape à l'autre). Ces algorithmes d'apprentissage sont principalement utilisés lorsque les données utilisées sont de séries temporelles pour faire des prédictions de résultats, telles que la traduction automatique ou la reconnaissance vocale.
- **Réseaux neuronaux convolutifs (CNN)** : sont similaires aux réseaux de rétroaction, mais ils sont généralement utilisés pour la reconnaissance d'images, la reconnaissance de formes et/ou la vision par ordinateur ou l'analyse d'imagerie médicale. Ils comportent des couches de convolution qui filtrent et transforment l'entrée pour extraire des caractéristiques significatives, comme les formes et les textures.
- **Réseaux de déconvolution (DNN)** : sont souvent utilisés pour des tâches de reconstruction d'image, jouant un rôle important dans des applications comme

l'amélioration d'image ou la vision par ordinateur par exemple améliorer la résolution d'une vieille vidéo de surveillance pour aider à identifier un suspect.

#### **II.5.4. Réseau de neurone convolutif**

Les CNN sont une architecture d'apprentissage profond spécialisée, particulièrement efficace pour l'analyse d'images et la reconnaissance de motifs visuels.

Sa méthodologie est proche de celle des méthodes classiques d'apprentissage supervisé ; ils possèdent plusieurs couches qui s'entraînent chacune à repérer diverses caractéristiques d'une image. Chaque image d'entraînement est traitée par divers filtres à différentes échelles. Le résultat de chaque convolution sert d'entrée à la couche suivante. Toutefois, les caractéristiques sont acquises automatiquement, Les CNN se chargent eux-mêmes de l'extraction et de la description des caractéristiques : pendant la phase d'entraînement, on réduit l'erreur de classification pour optimiser les paramètres du classifieur et ses caractéristiques. L'architecture particulière du réseau permet d'extraire des caractéristiques de diverses complexités, allant des plus basiques aux plus avancées. [52]

Les couches de ce réseau effectuent des opérations qui modifient les données pour connaître leurs propriétés spécifiques.

Les trois couches les plus couramment utilisés dans la conception de ce réseau sont :

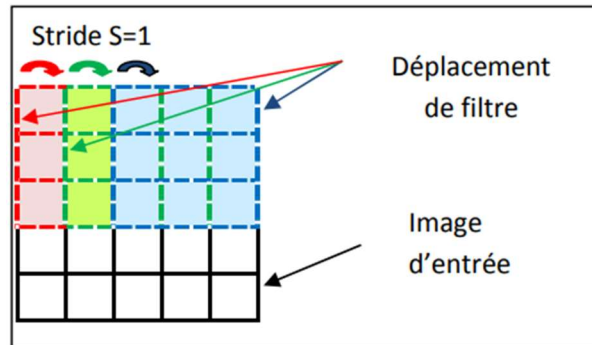
- **La couche de convolution** ; qui applique une série de filtres convolutifs à une image d'entrée, chaque filtre activant une fonctionnalité spécifique de l'image
- **La couche d'activation (Rectified Linear Unit « ReLU »)** ; favorisant un apprentissage plus rapide et plus efficace en remplaçant les valeurs négatives par des zéros et en préservant les valeurs positives. Ce processus est parfois appelé activation car seules les fonctionnalités activées passent au niveau suivant.
- **Et la couche de mise en commun** ; contribuent à simplifier la sortie grâce au sous-échantillonnage non linéaire et à réduire le nombre de paramètres que le réseau doit apprendre.

Ces processus sont répétés sur des dizaines ou des centaines de couches, chaque couche apprenant à identifier différentes caractéristiques [53].

### II.5.4.1. Couche convolutive

La couche convolutive est l'élément de base de CNN. On peut spécifier les dimensions de volume d'une couche convolutive à l'aide de trois paramètres : profondeur, pas et marge [54].

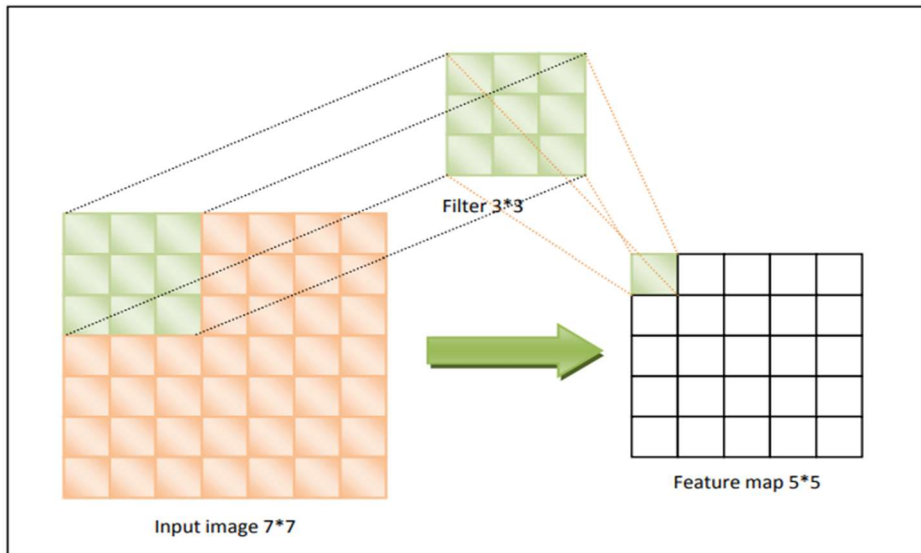
- **Profondeur de couche** : le nombre de filtres appliqués à une image donnée.
- **Pas (Stride)** : désigne le nombre de pixels de déplacement d'un filtre sur l'image d'entrée après chaque opération. Plus le pas est petit, plus les champs du récepteur se chevauchent et plus le volume de sortie est important.



**FIGURE II.8.** Démonstration de pas de déplacement d'un filtre convolutif.[49]

- **Marge (jusqu'à 0) ou remplissage de zéros** : le « zero padding » est une technique qui consiste à ajouter des '0' à chaque côté des frontières de l'entrée. La taille de ce « zéro de remplissage » est le troisième hyperparamètre. Cette marge permet de contrôler les dimensions spatiales du volume de sortie. En particulier, il peut être souhaitable de conserver la même surface que le volume d'entrée.

Des filtres sont utilisés pour créer les couches de convolution. Ce sont des planches de valeurs connues sous le nom de "feature maps". Chaque couche de convolution intègre une image et génère une "feature map" qu'on obtient en appliquant le filtre à l'image. Par exemple, si la taille de l'image est de 7x7 et que le filtre est de 3x3, la carte des caractéristiques (feature map) sera de 5x5 (FIGURE II.9). Par conséquent, la couche de convolution reçoit plusieurs images en entrée et effectue le calcul de la convolution de chacune d'entre elles en utilisant chaque filtre. Les filtres sont précisément adaptés aux features que l'on désire trouver dans les images [55].

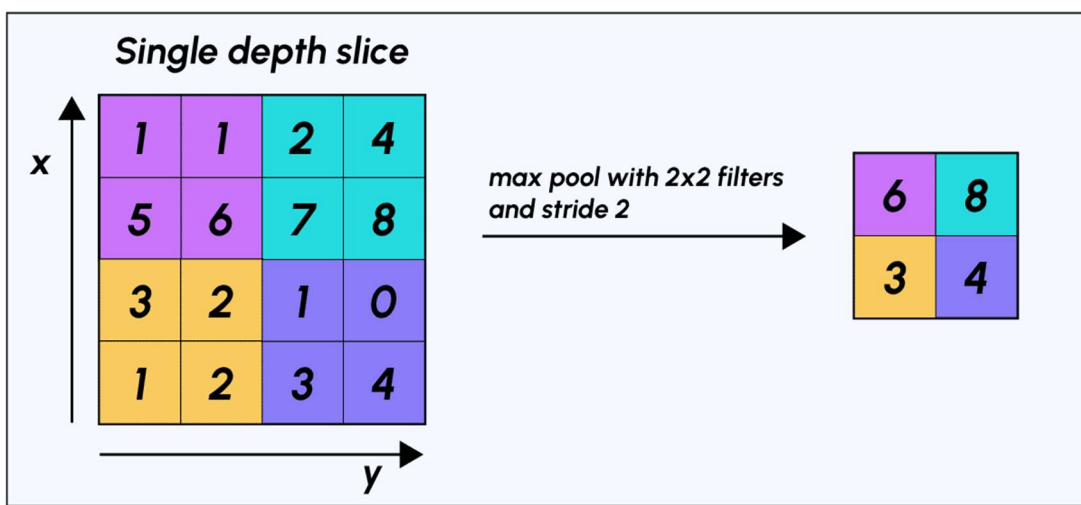


**FIGURE.II.9.** Démonstration sur le fonctionnement d'un filtre de convolution.[49]

**II.5.4.2. Couche de pooling (POOL)**

Le pooling est une forme de sous-échantillonnage d'images. L'image d'entrée est recadrée en une série de rectangles de n pixels dont les côtés ne se chevauchent pas (pooling), chaque rectangle peut être affiché sous forme de tuile. Le signal de sortie de la tuile est défini en fonction des valeurs obtenues par les différents pixels de la tuile. [54]

La couche de pooling est une méthode qui permet de réduire progressivement la taille de l'image en gardant que les informations les plus importantes. Par exemple, pour chaque groupe de 4 pixels, le pixel ayant la valeur maximale (Max Pooling, le plus populaire) ou la moyenne des pixels (AVG pooling) ainsi illustré dans la figure ci-dessous ;



**FIGURE.II.10.** Application d'un maxpooling sur une image. [56]

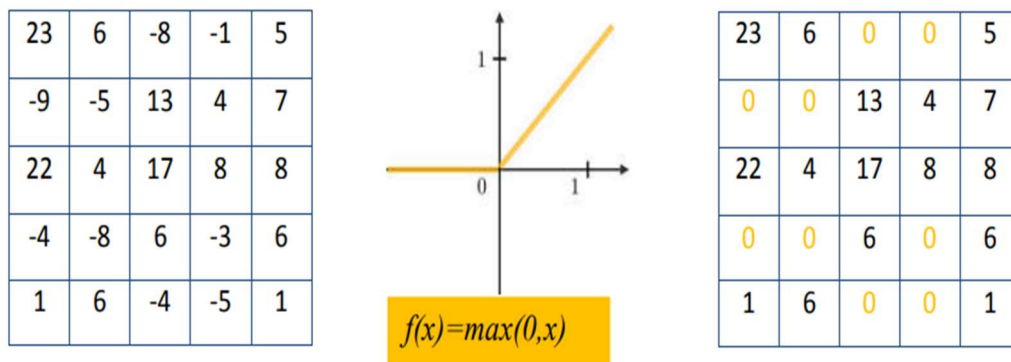
Par conséquent, il est courant d'insérer périodiquement une couche de pooling entre deux couches convolutives consécutives dans une architecture CNN pour contrôler l'overfitting (sur-apprentissage).

**II.5.4.3. La couche ReLU :**

Afin d'optimiser l'efficacité du traitement, il est possible d'intégrer une couche entre les différentes couches de traitement, qui appliquera une fonction mathématique (fonction d'activation) aux signaux de sortie. Dans ce cadre, on trouve ReLU (Unités Linéaires Rectifiées), qui fait référence à la fonction réelle non-linéaire [57]. Son rôle est de servir de fonction d'activation selon la formule :

$$F(x)=\max (0, x) \dots (II.8)$$

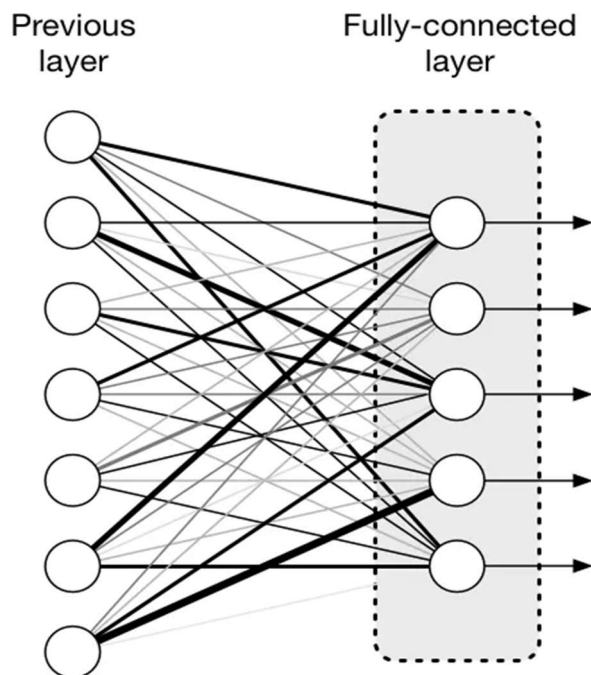
Toutes les valeurs négatives reçues en entrées sont remplacées par des zéros dans ReLU (FIGURE II.11).



**FIGURE.II.11.** Représentation de la fonction ReLU [49]

#### II.5.4.4. Couche fully-connected

La dernière couche d'un réseau de neurones, qu'il soit convolutif ou non, est toujours la couche fully-connected, qui combine les caractéristiques extraites par les couches précédentes pour classifier l'image (FIGURE.II.12). Ce genre de couche reçoit une entrée des vecteurs et elle renvoie un vecteur de taille unidimensionnel  $N$ , où  $N$  est le nombre de classes dans notre problème de classification d'images. Chaque composant du vecteur représente la probabilité que l'image en entrée soit classée. [58]



**FIGURE.II.12.** Connexions d'une fully-connected-layer dans un réseau de neurone.[57]

#### II.5.5. Exemple d'un CNN

LENet-5 est un modèle de réseau neuronal convolutif traditionnel largement utilisé pour la reconnaissance d'images, en particulier pour la reconnaissance de chiffres écrits. Son architecture est assez simple mais efficace et a ouvert la voie à de nombreux développements ultérieurs dans le domaine de la vision par ordinateur.

Ce modèle peut également être utilisé pour la détection de tumeurs, notamment dans le domaine d'imagerie médicale car il peut extraire efficacement les caractéristiques des images et les utiliser pour une classification précise. Par exemple les chercheurs ont utilisé LENet-5 pour détecter les tumeurs du sein dans les images de mammographie numérique, ce modèle a atteint

une précision de 94 % et une sensibilité de 95 % dans la détection de ces tumeurs [59] et atteint une précision de 92 % et une sensibilité de 95 % dans la détection des tumeurs cérébrales à l'aide d'images IRM [60].

Les couches de l'architecture LENET5 peuvent être modifier par rapport au domaine d'application.

Dans le développement d'intelligence artificielle, il est difficile de déterminer les meilleures configurations, qui comprennent principalement le nombre de couches cachées, pour avoir un apprentissage plus efficace. Ce dernier va donc être constitué de répétition d'expériences qui est donc la clé de l'apprentissage autonome.

Le modèle est considéré efficace lorsque le réseau interprète avec fiabilité de nouvelles données [61].

## II.6. CONCLUSION

L'intelligence artificielle est appelée à jouer un rôle essentiel dans le domaine de l'oncologie, en offrant des perspectives innovantes pour le diagnostic, le traitement et la recherche sur le cancer notamment le cancer de seins.

L'IA peut ainsi peut faciliter le diagnostic précoce et précis de ces tumeurs ; grâce à des algorithmes d'apprentissage profond, elle peut identifier des modèles subtils sur les images médicales, susceptibles d'échapper à l'œil humain. Cette capacité d'analyse approfondie permet de détecter des tumeurs à un stade précoce, augmentant ainsi les chances de réussite du traitement. De plus, l'IA aide à classer le type et le stade du cancer, données essentielles pour personnaliser le traitement. Chose que nous avons essayé de développer dans ce chapitre à travers l'application d'un réseau de neurone sur des images échographiques et mammographiques en utilisant MATLAB et Deep Learning Toolbox qui fournissent des fonctions de ligne de commande et des applications pour créer, entraîner et simuler des réseaux de neurones peu profonds.

Les bases de données (images médicales) après les avoir traités en éliminant les parasites et augmentant le contraste, vont alimenter ce réseau de neurone convolutif et constituer des données d'entrées. Les neurones d'entrée vont ensuite transmettre ces données aux couches intermédiaires (couches cachées), puis à celles de sortie. Si un résultat différent de la réalité est obtenu, alors il y a une adaptation automatique du réseau qui est obtenue mathématiquement.

Les résultats de l'apprentissage de ce réseau de neurone seront détaillés dans le troisième chapitre.

**CHAPITRE III.**  
**RÉSULTATS ET**  
**INTERPRÉTATION**

### **III.1. INTRODUCTION**

Un réseau de neurones convolutif (CNN) est une architecture de réseau neuronal profond. En tant que sous-catégorie de l'apprentissage automatique, les CNN trouvent des applications dans la reconnaissance d'image, les systèmes de recommandation et le traitement du langage naturel. Ils sont particulièrement efficaces pour le traitement des données visuelles

Ces réseaux, se sont imposés comme des architectures de pointe dans le domaine du deep-learning pour la classification d'images médicales. Leur capacité à extraire des caractéristiques pertinentes des images a conduit à des progrès significatifs dans le diagnostic médical.

Ce chapitre présente la conception et la réalisation d'une plateforme dédiée à la détection et à la classification des régions tumorales dans les images médicales. Cette plateforme s'appuie sur un réseau de neurones convolutif afin d'assister les médecins, notamment les radiologues, dans leur travail quotidien. Nous décrirons les tests effectués et les résultats obtenus, mettant en lumière le potentiel de cette solution pour améliorer la précision et l'efficacité du diagnostic.

Les réseaux de neurones convolutifs (CNN) se sont imposés comme des architectures de pointe dans le domaine du deep-learning pour la classification d'images médicales. Leur capacité à extraire des caractéristiques pertinentes des images a conduit à des progrès significatifs dans le diagnostic médical.

Ce chapitre présente la conception et la réalisation d'une plateforme dédiée à la détection et à la classification des régions tumorales dans les images médicales. Cette plateforme s'appuie sur un réseau de neurones convolutif afin d'assister les médecins, notamment les radiologues, dans leur travail quotidien. Nous décrirons les tests effectués et les résultats obtenus, mettant en lumière le potentiel de cette solution pour améliorer la précision et l'efficacité du diagnostic.

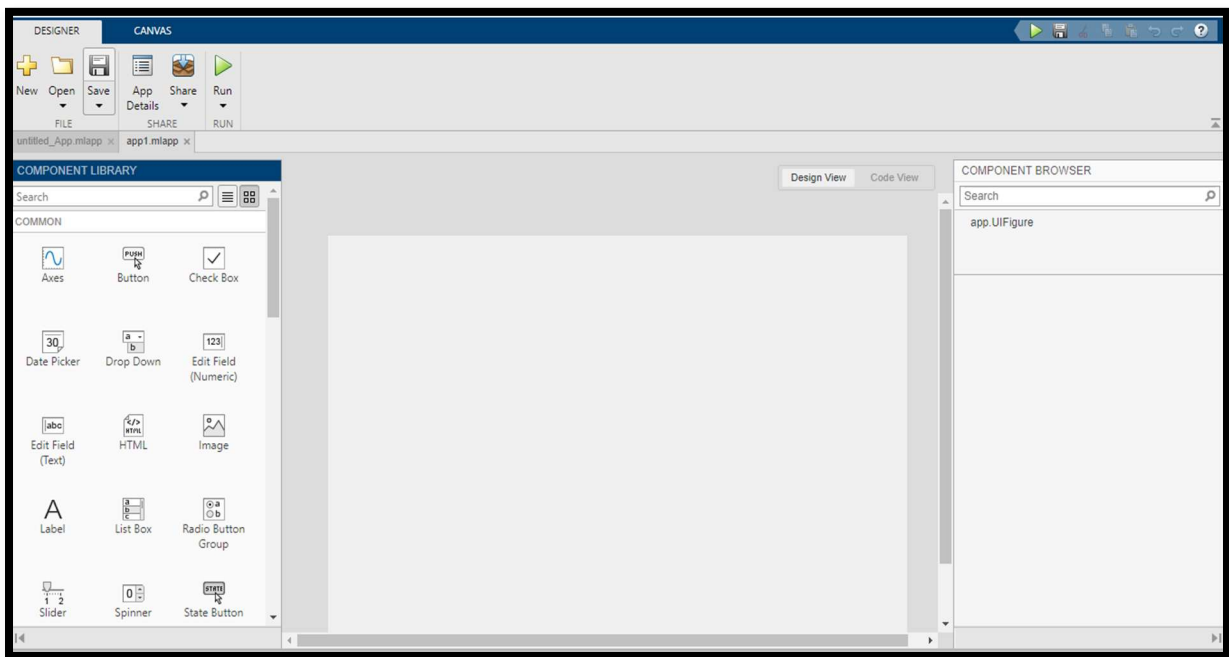
### **III.2. PRETRAITEMENT DES IMAGES MÉDICAL :**

Les images médicales utilisés sont des images échographiques et mammographiques (déjà présentés dans le deuxième chapitre).

Le processus de prétraitement concerne les images mammographiques car elles présentent des régions de hautes intensités qui peuvent induire une erreur à la détection de la tumeur.

L'interface de prétraitement est développée dans APP designer de Matlab, qui est une plateforme de développement intégrée qui propose une interface utilisateur visuelle pour concevoir et créer des applications MATLAB. Son objectif est de donner aux utilisateurs la possibilité de créer rapidement et aisément des interfaces professionnelles en utilisant un simple "glisser-déposer".

La fenêtre APP designer se présente comme suit : (FIGURE III.1)



**FIGURE III.1.** Fenêtre APP DESIGNER vierge.

Sa librairie se compose principalement de ces éléments :

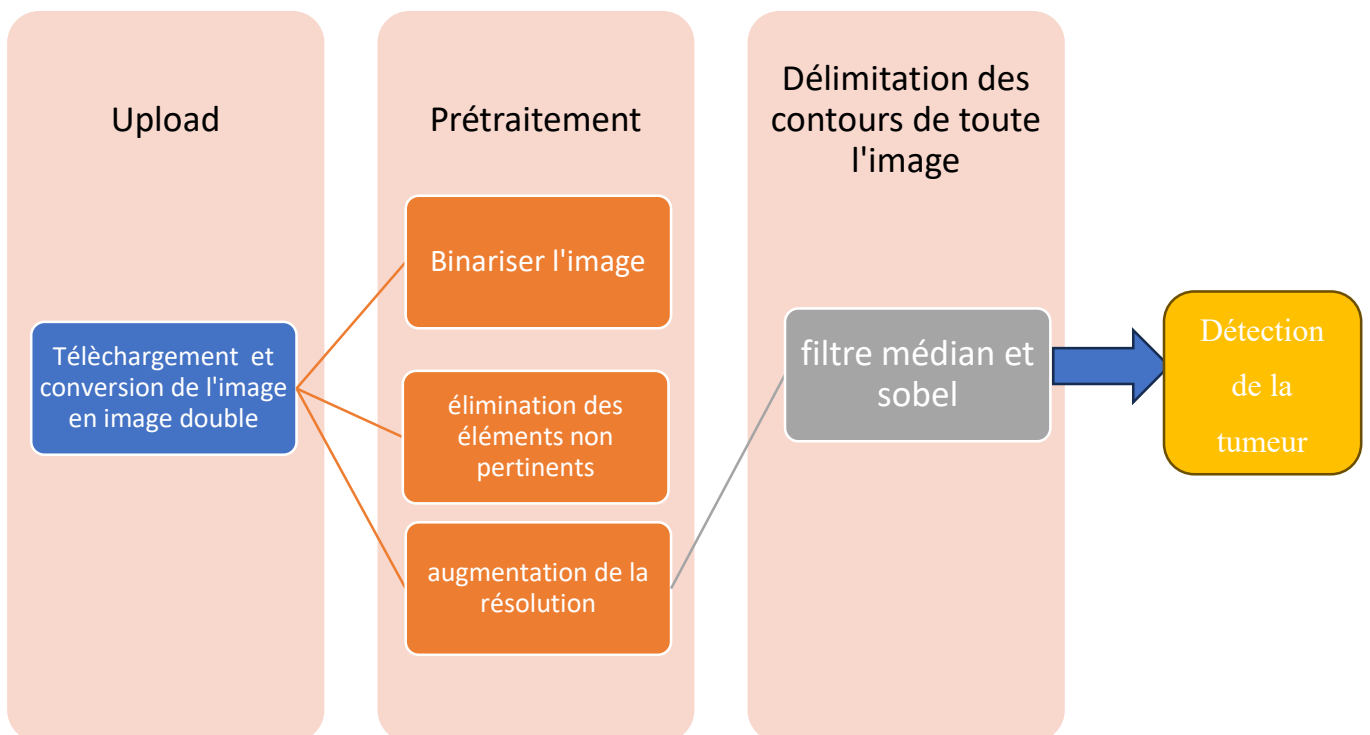
- Button : Bouton simple pour les actions de l'application.
- Axes : permettent de créer des graphiques 2D ou 3D pour afficher des données
- CheckBox : Case à cocher pour les options de choix.
- EditText : Champ de texte pour l'entrée de données.
- Label : Étiquette pour afficher des informations supplémentaires.
- Listbox : Sélecteur de liste déroulante pour les options de choix.
- RadioButton : Bouton radio pour les options de choix.
- Slider : Barre de défilement pour ajuster des valeurs.

- Spinner : Contrôle de rotation pour ajuster des valeurs.
- Text : Champ de texte pour l'entrée de données.
- TreeNode : Nœud de répertoire pour les arbres de répertoire

### III.2.1. Organigramme d'exécution:

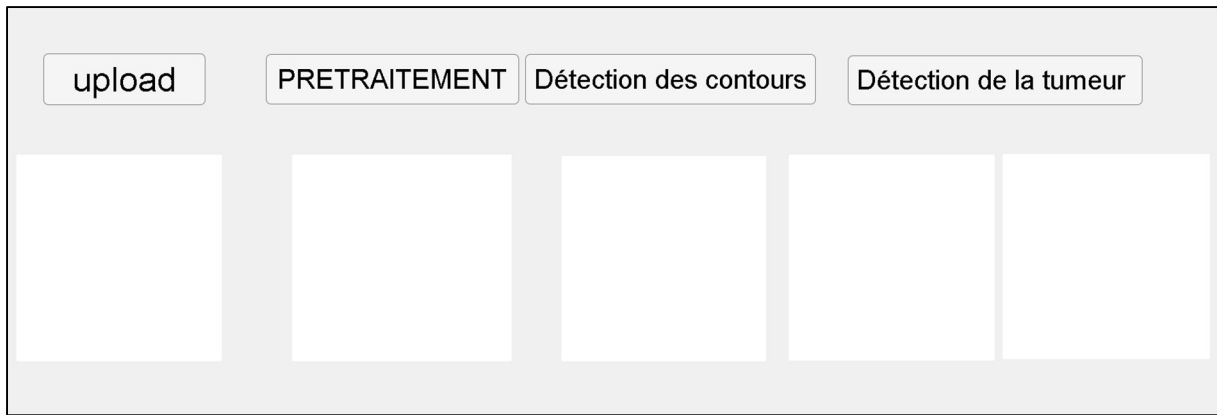
L'interface de prétraitement est composée de quatre boutons, chacun dédié à une tâche spécifique. Ces boutons, programmables et interactifs, permettent de réaliser des opérations de prétraitement puis la détection d'anomalies sur les images (quatrième bouton). Le résultat de chaque opération est affiché en temps réel dans un axe graphique adapté.

Le schéma bloc suivant présente les fonctions de chaque bouton :



**SCHÉMA III.1.** Représentation schématique du processus de prétraitement.

L'interface aura l'aspect suivant :



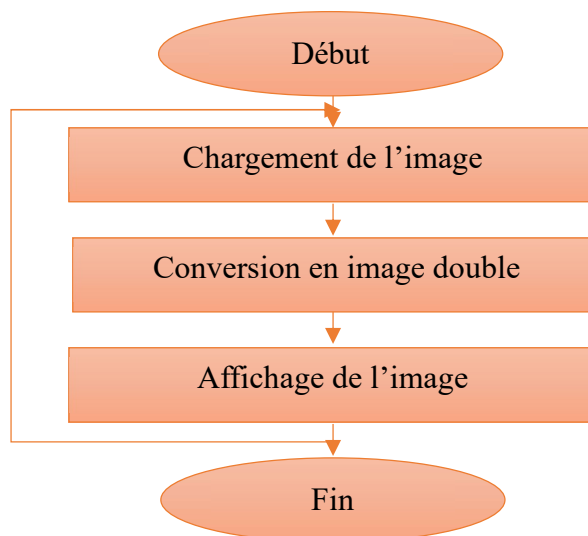
**FIGURE III.2.** Interface de prétraitement.

### **III.2.2 résultats de prétraitement**

#### **III.2.2.1. chargement de l'image :**

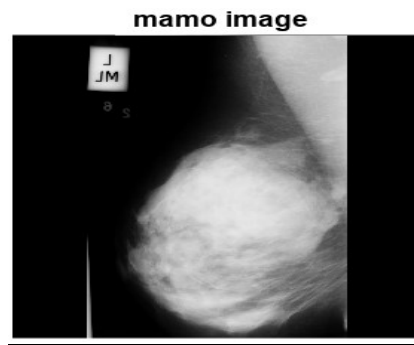
L'image sélectionnée, en niveaux de gris, sera chargée directement depuis son dossier et convertie en image à virgule flottante. Cette conversion transformera les pixels en valeurs numériques comprises entre 0 et 1, offrant une plus grande précision pour les calculs mathématiques. Cela permet d'effectuer des transformations et des analyses plus précises, et prévient la perte d'informations, en particulier lors des opérations de convolution. L'image sera ensuite affichée sous le titre "mamo image".

L'organigramme de Schéma III.2 détaille les étapes du fonctionnement du bouton UPLOAD.



**SCHÉMA III.2.** Le processus d'obtention de l'image à traiter.

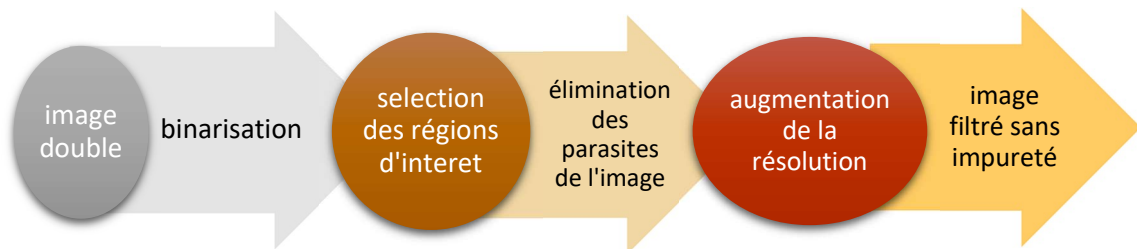
➤ **Résultat obtenu**



**FIGURE III.3.** Image obtenue dans le bouton de chargement.

**III.2.2.2. Prétraitement de l'image :**

Le prétraitement des images est une étape importante dans l'analyse d'images médicales. Il permet d'éliminer les perturbations indésirables, telles que les étiquettes de référence provenant de l'appareil de détection et les parties du corps ayant un niveau de gris similaire aux régions d'intérêt, comme le muscle pectoral dans notre cas. Le schéma bloc présenté dans le schéma suivant détaille les étapes de traitement et de préparation initiales des images médicales.



**SCHÉMA III.3.** Etapes de prétraitement de l'image.

**a. Délimitation de sein et élimination des parasites**

Cette étape utilise le traitement d'images binaires "binary image processing" pour analyser l'image et supprimer les régions indésirables.

**Étape 1 : Extraction de la Région d'Intérêt (ROI)**

1. **Binarisation :** L'image originale "img1" est convertie en une image binaire "bw1" en utilisant la fonction "imbinarize" avec un seuil de 0.1. Les pixels supérieurs à 0.1 sont mis à 1 (blanc), les autres à 0 (noir).

2. **Détection de la ROI :** La fonction "regionprops" est utilisée pour identifier les régions d'intérêt dans "bw1", en extrayant des informations comme leur centre de masse, leur aire et leur forme.
3. **Sélection de la ROI :** La plus grande région d'intérêt est sélectionnée en fonction de son aire. Son centre de masse est ensuite utilisé pour définir un masque binaire "bw2" qui englobe la ROI, avec un voisinage de 8 pixels.
4. **Masquage :** La fonction "immultiply" multiplie l'image originale "img1" par le masque "bw2", créant une nouvelle image "K" contenant uniquement la ROI. Cette étape permet d'éliminer les éléments non pertinents, comme l'étiquette sur l'image.

## Étape 2 : Élimination du Muscle Pectoral

1. **Binarisation du Muscle :** L'image "K" est binarisée avec un seuil de 0.5, générant une nouvelle image binaire "z2".
2. **Sélection des Régions du Muscle :** Les régions d'intérêt dans "z2" sont sélectionnées en utilisant un voisinage de 8 pixels, créant un nouveau masque binaire "bw3".
3. **Évaluation du Ratio :** Le rapport entre le nombre de pixels activés dans "z2" et "bw3" est calculé.
4. **Suppression du Muscle :**
  - Si ce ratio est supérieur ou égal à 1, "K" est multiplié par "bw3" pour supprimer les éléments non pertinents.
  - Si le ratio est inférieur à 1, une nouvelle binarisation de "K" est effectuée avec un seuil de 0.75, et un nouveau ratio ("ratio2") est calculé.
  - Si "ratio2" est nul, la méthode "graythresh" (méthode d'OTSU) est utilisée pour déterminer automatiquement un seuil optimal, puis les régions d'intérêt sont sélectionnées.
5. **Suppression des Parasites :** Finalement, l'image "bw3" est multipliée par "K" pour éliminer les parasites restants, résultant en une image finale sans éléments non pertinents.

### **b. Modification de la résolution**

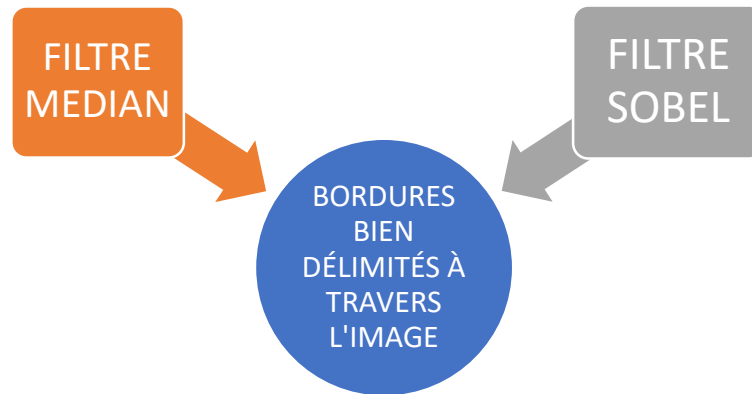
Pour améliorer la qualité de l'image finale, une série de filtres est appliquée à l'image résultante afin de réduire le bruit et les détails fins.

- **Filtre moyenneur** : Un masque de filtre moyenneur de taille 3x3 est créé à l'aide de la fonction `fspecial`. Ce filtre lisse l'image en remplaçant chaque pixel par la moyenne pondérée de ses voisins.
- **Déconvolution de Wiener** : La fonction `deconvwnr` est utilisée pour appliquer la déconvolution de Wiener à l'image `K`, avec un rapport signal/bruit (SNR) spécifié de 0.4. Cette technique permet d'améliorer la netteté de l'image en corrigeant les effets de flou.
- **Égalisation d'histogramme adaptative (AHE)** : La fonction `adaphisteq` applique un filtre AHE à l'image `K`. Ce filtre ajuste la dynamique de l'image en fonction des régions claires et sombres, ce qui améliore la visibilité et le contraste de l'image.

L'image résultante `K` est ensuite affichée sur le deuxième axe graphique sous le titre "Obtenir le sein". La Figure III.6 ci-dessous montre l'image finale après l'application de toutes ces étapes de prétraitement.



**FIGURE III.4.** Résultat après prétraitement.

**III.2.2.3. Détection des contours de toute l'image****SCHÉMA III.4.** Filtres utilisés dans la détection des contours

Pour détecter et afficher les bords de notre image médicale et repérer les contours des tissus mammaires afin de détecter les régions anormales, nous avons suivi ces étapes :

**Étape 1 : Filtrage médian**

Tout d'abord, un filtre médian bidimensionnel est appliqué à l'image « K » à l'aide de la commande « medfilt2 ». Ce filtre permet de réduire le bruit et les artefacts présents dans l'image.

**Étape 2 : Détection des bords avec le filtre de Sobel**

Ensuite, un filtre de Sobel modifié est appliqué à l'image filtrée. Pour chaque pixel, le code calcule deux gradients :

G<sub>x</sub> : le gradient horizontal est calculé en multipliant chaque pixel de l'image (sauf ceux du bord) par la matrice suivante :

$$\begin{pmatrix} 1 & 2 & 1 \\ 0 & 0 & 0 \\ -1 & -2 & -1 \end{pmatrix}$$

G<sub>y</sub> : le gradient vertical est calculé en multipliant chaque pixel de l'image (sauf ceux du bord) par la matrice suivante :

$$\begin{pmatrix} -1 & 0 & 1 \\ -2 & 0 & 2 \\ -1 & 0 & 1 \end{pmatrix}$$

### Étape 3 : Combinaison des gradients

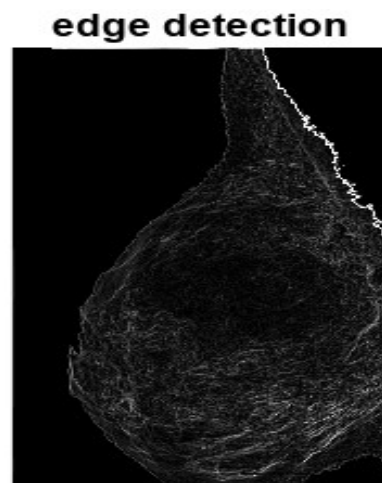
Les gradients horizontaux ( $G_x$ ) et verticaux ( $G_y$ ) sont ensuite combinés pour obtenir une mesure de l'intensité du contour à chaque pixel, selon la formule suivante :

$$B(i, j) = \sqrt{G_x^2 + G_y^2} \dots(\text{III.1})$$

Cette formule permet d'identifier les pixels à forte intensité, correspondant aux bords de l'image.

### Étape 4 : Affichage des résultats

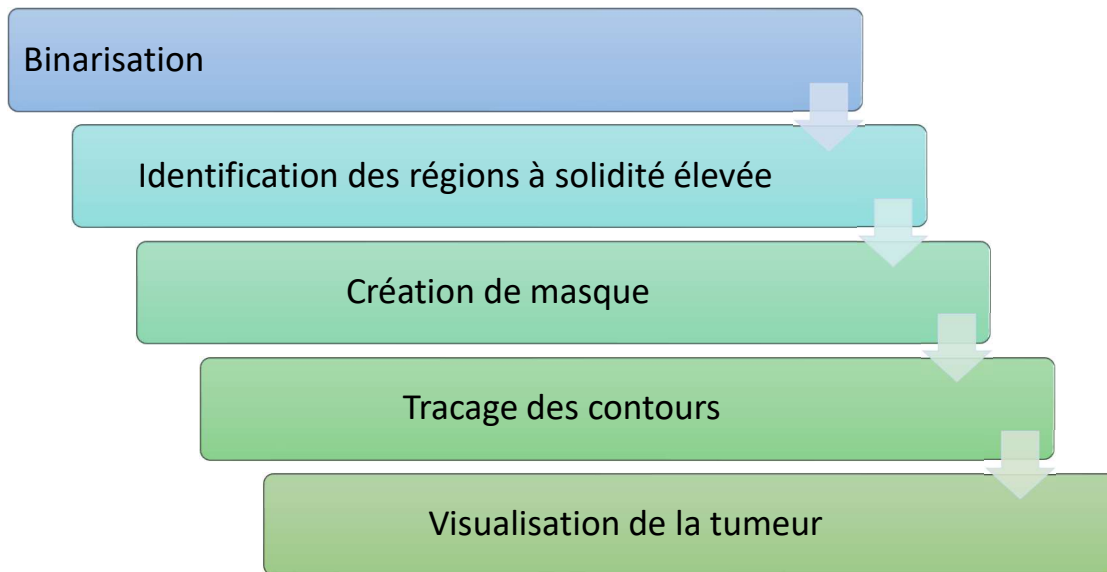
Le résultat final est une nouvelle image (B) représentant les bords détectés, qui est affichée sous le titre « Edge detection » (Figure III.8).



**FIGURE III.5.** Image après détection des contours.

## **III.3. DETECTION DES TUMEURS**

Le système de détection analysera l'image pour identifier les tumeurs en suivant les étapes de l'algorithme suivant :



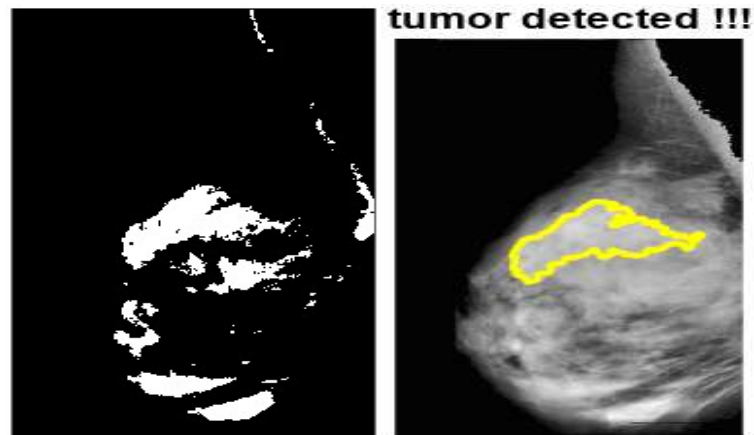
**SCHÉMA III.5.** Organigramme de la détection des tumeurs.

L'image est d'abord binarisée avec un seuil de 0,7, ce qui signifie que les pixels ayant une valeur supérieure à 0,7 deviennent blancs (1) et les autres noirs (0). Ensuite, la fonction « bwlabel » est utilisée pour étiqueter les régions de l'image. Chaque région, ou groupe de pixels connectés, reçoit un numéro d'étiquette unique dans la matrice « label ».

Les propriétés des régions dans la matrice « label », telles que la solidité et l'aire, sont ensuite calculées. Les régions ayant une solidité supérieure à -0,9 et une aire importante sont sélectionnées, la plus grande d'entre elles étant potentiellement la région tumorale.

Pour une meilleure visualisation des contours de la tumeur détectée, un masque binaire est créé. Les pixels appartenant à la région tumorale prennent la valeur (1), tandis que les autres pixels prennent la valeur (0). Ce masque est ensuite dilaté pour mieux mettre en évidence les contours de la tumeur.

Finalement, la fonction « bwboundaries » est utilisée pour afficher les contours des régions détectées comme des tumeurs sur l'image, en utilisant une couleur jaune, comme illustré dans la Figure III.10.



**FIGURE III.6.** Le masque de l'image et détection des contours de la tumeur .

### **III.4. DEEP LEARNING**

En classification d'images, les modèles d'apprentissage profond, tels que les réseaux de neurones, sont entraînés sur de vastes ensembles de données d'images étiquetées. Ces modèles apprennent à identifier les caractéristiques clés dans les images, comme les bords, les formes, les textures et les couleurs. Ils utilisent ensuite ces informations pour classer de nouvelles images dans l'une des catégories prédéfinies.

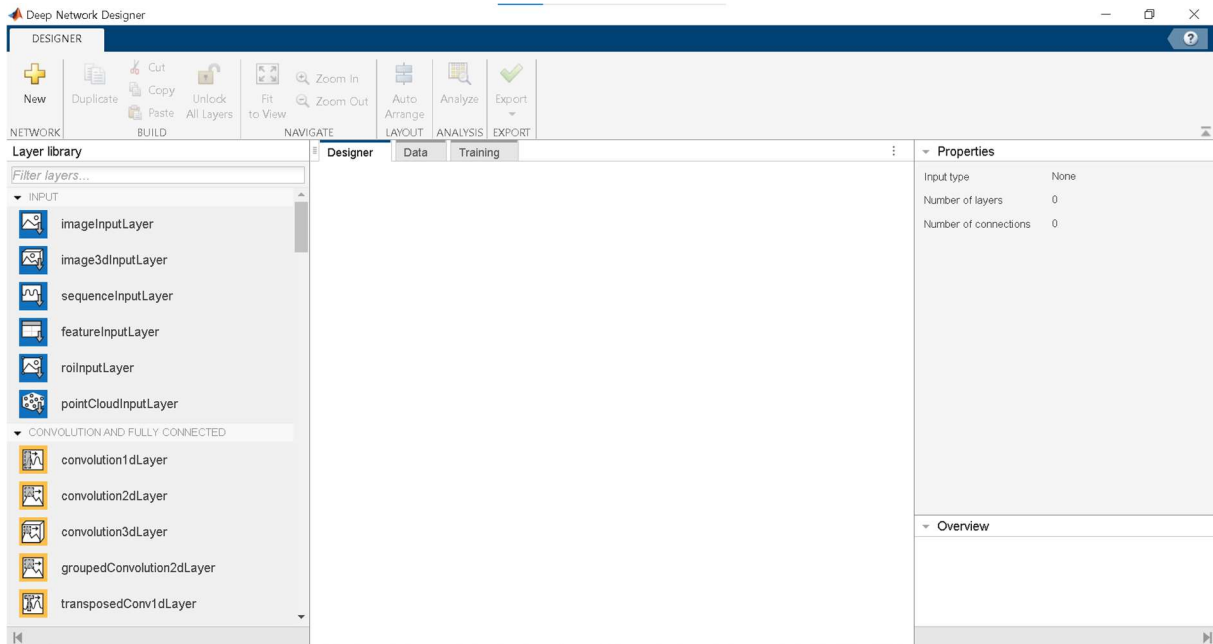
Notre objectif est de développer un réseau de neurones convolutif capable de classer des images mammaires en deux catégories : saines et tumorales. De plus, nous souhaitons que le modèle puisse distinguer les types de tumeurs (malignes ou bénignes).

Pour ce faire, nous allons entraîner et enregistrer un réseau de neurones convolutif.

#### **III.4.1 environnement de travail**

Parmi les environnements de développement des réseaux de neurones, on trouve Deep Network Designer de MATLAB. Cette application offre une interface intuitive permettant d'importer, de créer, de visualiser et de modifier des réseaux de Deep Learning. Il suffit de glisser-déposer les couches (disponibles dans la "layer library") vers l'espace de travail. En les reliant entre elles, on crée un réseau complet.

La FIGURE III.7 illustre l'interface vierge de l'application Deep Network Designer.



**FIGURE III.7.** Interface utilisateur de Deep Network Designer

Avec cette application, on peut aussi :

- Construire, modifier et combiner des réseaux : les paramètres de chaque couche sont affichés dans « propriétés » (FIGURE III.11), donc la modification devient aisée.
- On importe les données en sélectionnant l'emplacement de notre base de données (fichier qui contient les images qu'on veut entraîner), et le pourcentage des images utilisées pour la validation. (illustré en annexe 1);
- Charger des réseaux pré-entraînés directement de workspace dans l'EDITOR et les modifier pour l'apprentissage par transfert.
- Analyser les réseaux pour s'assurer que l'architecture est correctement définie.
- Générer du code MATLAB pour créer des réseaux.

#### **III.4.1.1. Entraînement des données :**

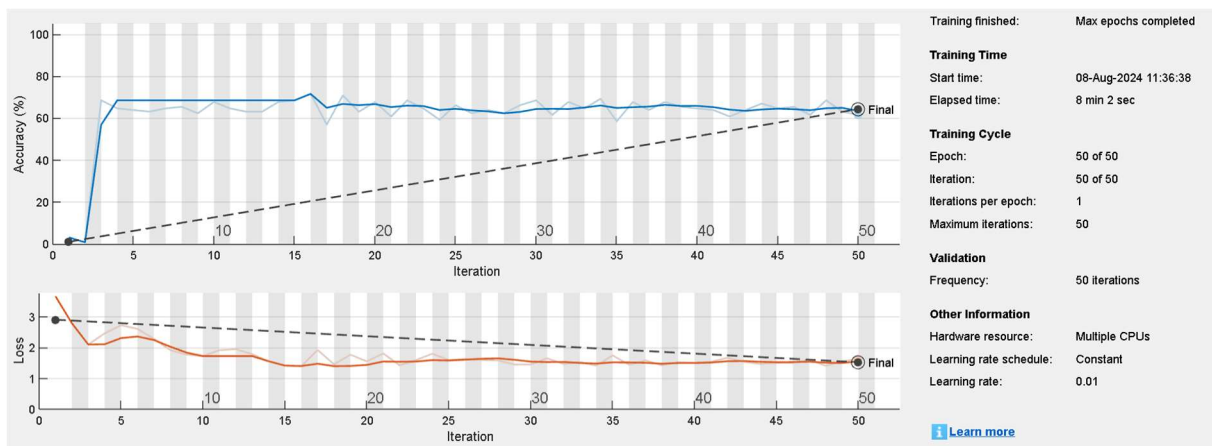
Après avoir conçu les couches de réseau (couches choisies en fonction de la tâche à exécuter) et sélectionné le dossier contenant les données, on doit entraîner ce réseau (lui faire apprendre les données sélectionnées).

Il existe une multitude de paramètres qu'on peut ajuster pour répondre à nos besoins comme l'algorithme d'entraînement (ex. adam), nombre d'époques, (le nombre de fois que le modèle

sera entraîné sur nos données), taille de batch (nombre d'éléments que le modèle traitera à la fois lors de l'entraînement), la fréquence de validation (fréquence à laquelle les données de validation sont évaluées), le taux d'apprentissage initial du réseau (ex. le réseau commencera à apprendre avec une erreur de  $1 \cdot 10^{-3}$ ) ainsi que d'autres paramètres à modifier selon le besoin. (Illustration en annexe 2)

Le modèle sera entraîné pendant un nombre d'époques défini précédemment.

La figure III.12, illustre un exemple de la progression de l'entraînement en observant les courbes d'erreur et les indicateurs de performance

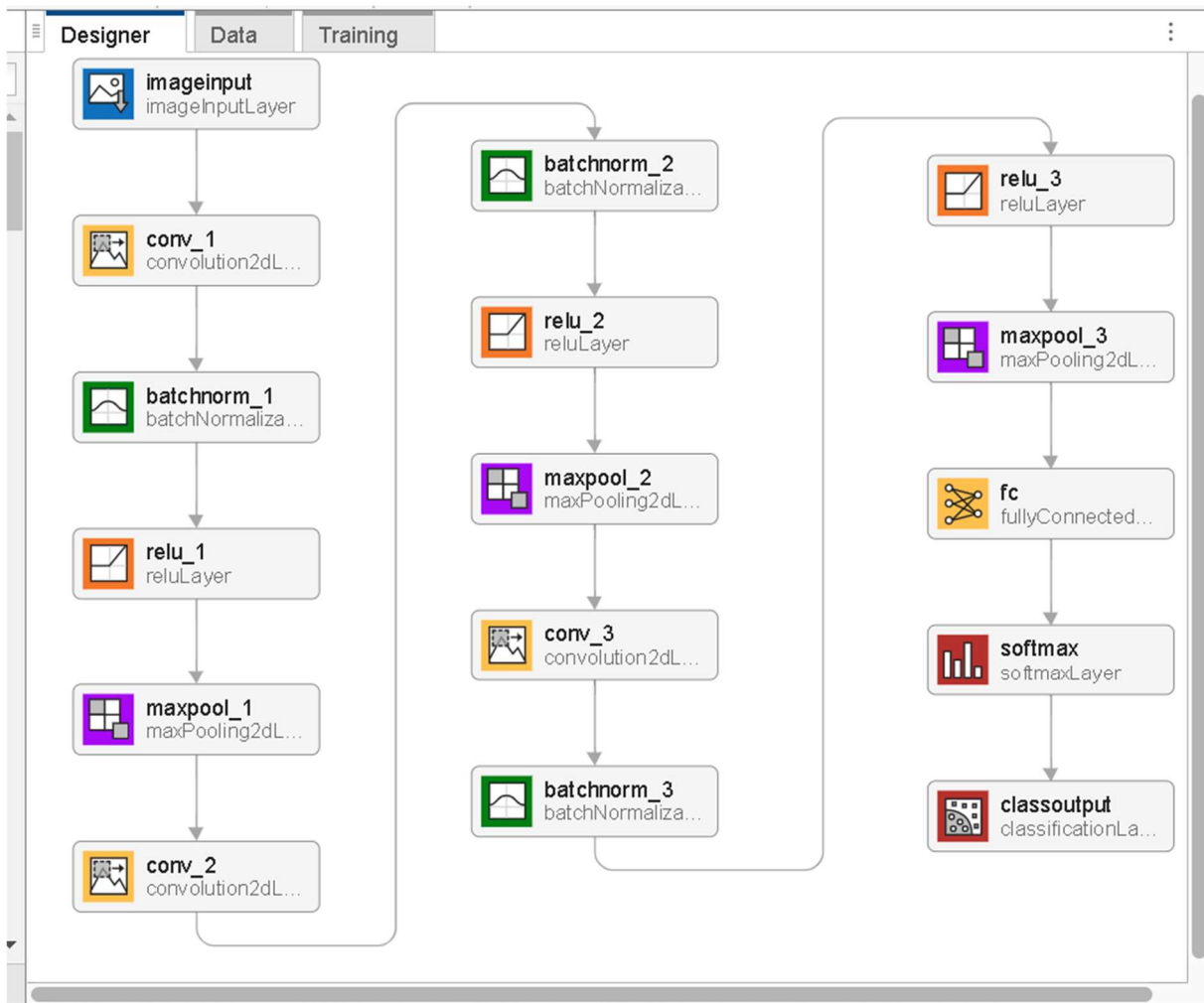


**FIGURE III.8.** Courbes des performances d'un réseau de neurone convolutif.

A la fin de l'entraînement on sauvegardera le model et son entrainement dans un emplacement spécifique grâce à la commande « SAVE » et on exporte son code vers l'éditeur MATLAB pour d'éventuels modifications.

### **III.4.2 Architecture de notre système :**

L'architecture que nous avons conçue pour réaliser notre travail qui consiste à détecter et classifier les tumeurs dans les images médicales est la suivante (FIGURE III.9) :



**FIGURE III.9.** Architecture de notre CNN.

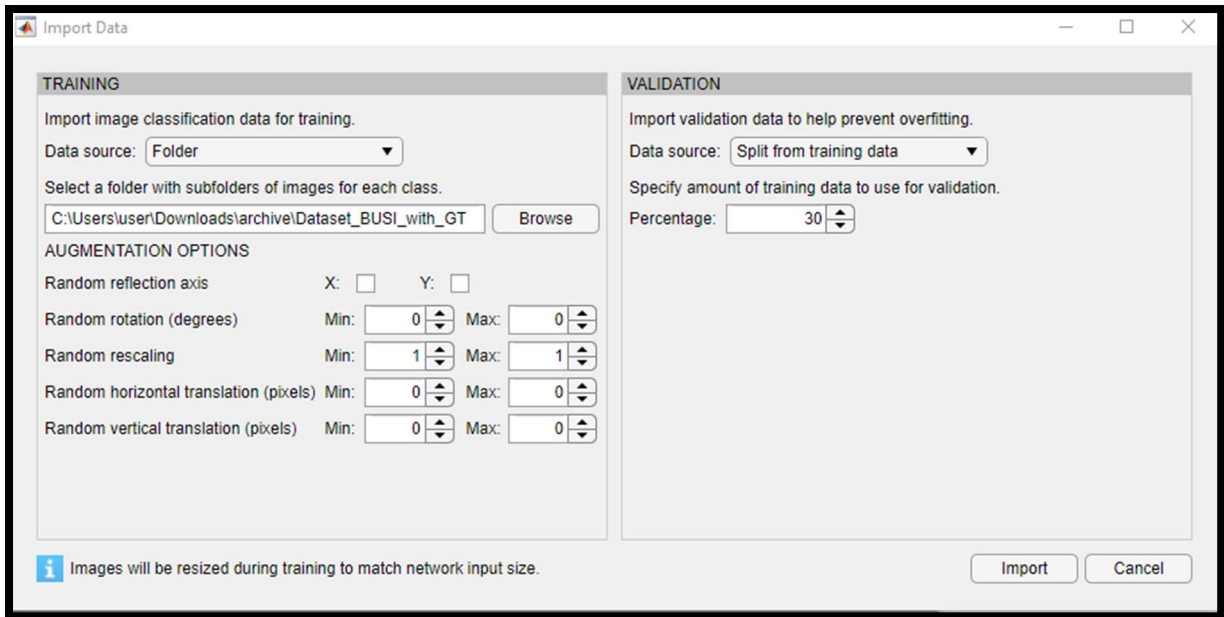
**III.4.2.1. Rôle et configuration de chaque couche :**

- **imageInputLayer** : Cette couche est l'entrée du réseau et est spécifiée pour des images en niveaux de gris de taille 400x400 pixels.
- **convolution2dLayer** : Cette couche effectue des opérations de convolution avec 8 filtres de taille 3x3, en conservant la même taille des données en sortie grâce à l'option 'Padding' égale à 'same'. Elle effectue une opération de convolution pour extraire des features des images d'entrée. La fonction d'activation utilisée est la couche « relu ».
- **batchNormalizationLayer**: Cette couche normalise les données d'entrée, ce qui facilite et accélère la convergence du modèle en ajustant les valeurs d'entrée. Elle aide à stabiliser le processus d'apprentissage et améliorer les performances du réseau.

- **reluLayer**: Elle applique la fonction d'activation ReLU à la sortie des couches de convolution pour introduire une non-linéarité dans le modèle.  
Elle met à zéro les valeurs négatives et laisse intactes les valeurs positives.
- **maxPooling2dLayer**: c'est une couche qui effectue une opération de pooling de type max-pooling avec une fenêtre de 2x2 et un stride de 2 (décalage de la fenêtre de 2 pixels à chaque fois) son rôle est de réduire la taille des images d'entrée et extraire les caractéristiques les plus importantes.
- **fullyConnectedLayer** : Cette couche est une couche entièrement connectée avec 3 neurones en sortie, correspondant aux 3 classes de sortie du problème de classification : bénigne, maligne et normale.
- **softmaxLayer** : Cette couche applique la fonction « softmax » aux sorties de la couche entièrement connectée ce qui permet de transformer les scores bruts des neurones en probabilités, facilitant ainsi l'interprétation des prédictions en termes de probabilités.
- **ClassificationLayer**: Cette couche effectue la classification finale en attribuant une classe aux données en fonction des probabilités prédites par le modèle.

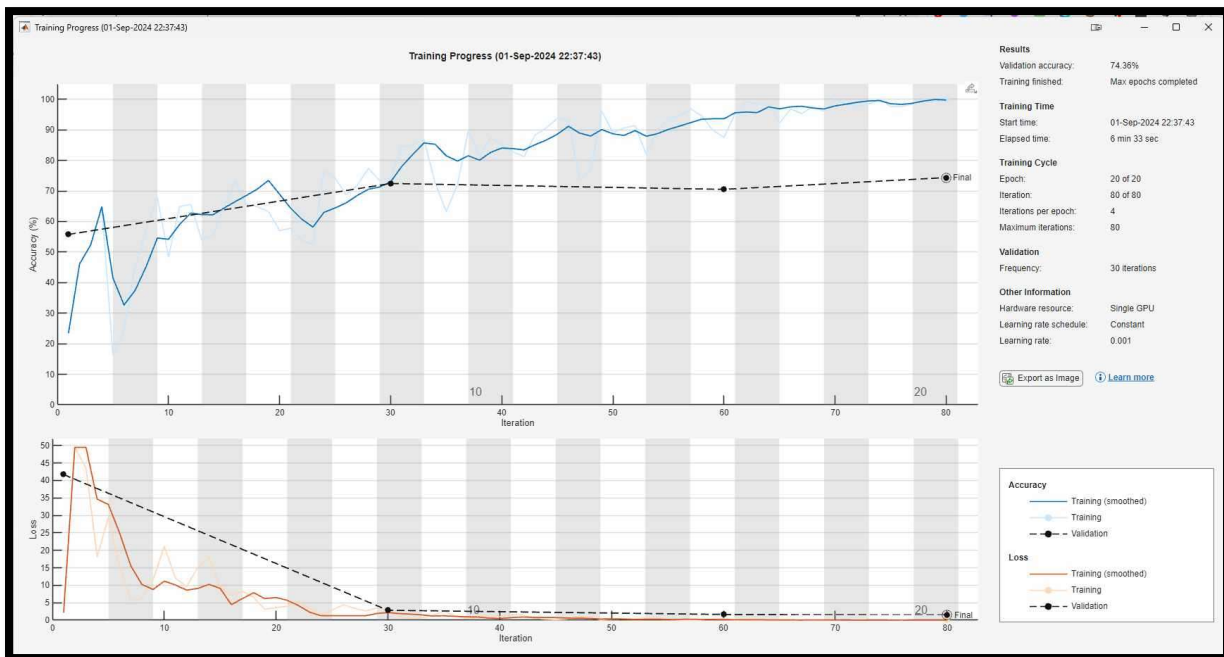
#### **III.4.2.2. Entraînement de réseau :**

Pour entraîner l'architecture du réseau de neurones, nous avons utilisé un ensemble d'images échographiques pré-classées en trois catégories : malignes, bénignes et normales. Cet ensemble de données a été divisé en deux parties : 70 % pour l'entraînement et 30 % pour la validation (voir Figure III.10).



**FIGURE III.10.** Fenêtre des paramètres d'importation des données.

Les courbes d'entraînement obtenus donnent une occurrence de 74,36%, et une fonction de perte convergant vers 0 à partir de la 20<sup>ème</sup> itération. (FIGURE III.11).



**FIGURE III.11.** Courbe d'occurrence et de perte de l'entraînement de notre CNN.

Bien que le taux de validation de notre réseau d'entraînement atteigne 74,36 %, ce résultat peut être influencé par la taille limitée de la base de données d'entraînement. Malgré cela, ces

résultats suggèrent que l'architecture du réseau de neurones est bien adaptée à la classification d'images échographiques.

### **III.4.3. Interface de détection :**

L'interface développée dans App Designer permet aux utilisateurs d'importer des images, de les analyser et de les présenter après classification à l'aide de notre modèle de CNN entraîné (voir Figure III.12).

L'interface comprend :

- **Trois axes d'affichage :** un pour l'image à classifier, un pour son masque et un pour le contour détecté de la tumeur sur l'image originale.
- **Un bouton « Upload Image » :** il déclenche l'analyse et l'affichage dans les trois axes.
- **Un label :** il affiche la décision finale de la classification (bénigne, maligne ou normale).

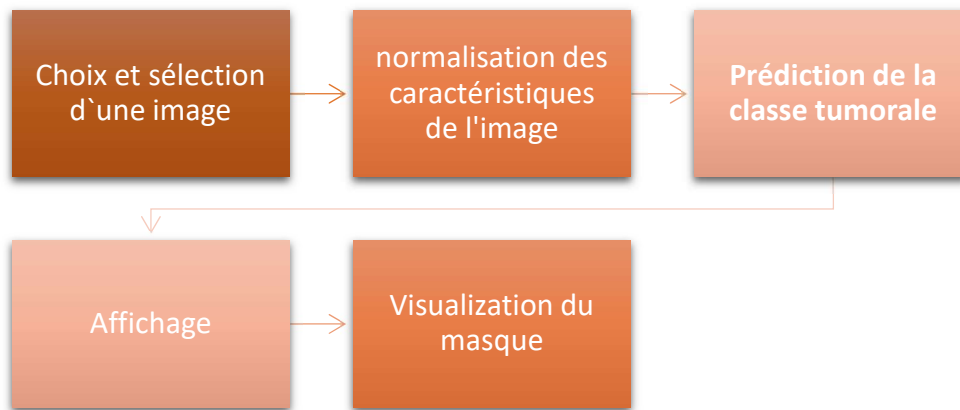
Cette interface offre une visualisation claire du processus de classification et des résultats



**FIGURE III.12.** Interface de détection et de classification.

**III.4.3.1. Configuration et réalisation :****a. Prédiction de label de l'image et affichage :**

L'utilisateur sélectionne une image à analyser en utilisant le bouton "UPLOAD IMAGE". La fonction "uigetfile" ouvre un dialogue de sélection de fichiers, permettant de choisir une image au format .png, .jpg ou .jpeg à partir d'un répertoire spécifié. La prédiction de la classe tumorale ce fait en suivant les étapes du schéma III.17 suivants.



**SCHEMA III.6.** Processus de classification tumorale.

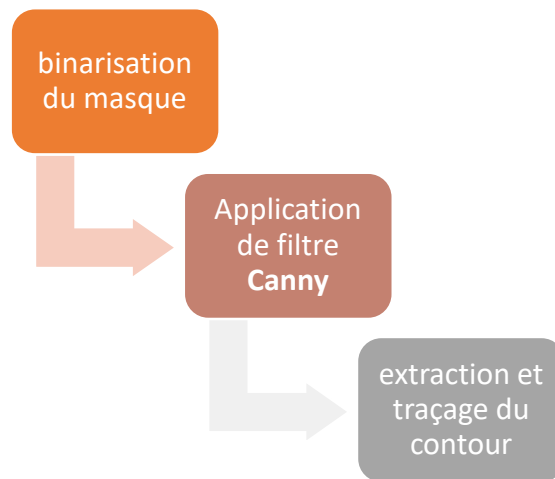
L'image sélectionnée est prétraitée par la fonction "preprocessImage" pour normaliser ses caractéristiques et la rendre compatible avec le modèle CNN.

Le modèle CNN, stocké dans la variable "net", est ensuite utilisé pour prédire la classe de l'image via la fonction "classify". La classe prédite, ainsi que le masque associé à l'image, sont affichés dans l'interface utilisateur, en utilisant les fonctions "imshow" et "showMask".

Enfin, le texte du label est mis à jour pour afficher la classe tumorale prédite par le modèle.

**b. Détection du contour de la tumeur :**

La détection du contour de la tumeur s'effectue à l'aide de la binarisation de l'image et de l'application d'un filtrage Canny, comme le montre l'organigramme suivant ;



**SCHÉMA III.7.** Processus de la détection du contour de la tumeur.

Pour visualiser le contour d'un objet dans une image binaire, on utilise un masque de vérité.

#### **Étape 1 : Binarisation du masque**

- Si le masque n'est pas déjà binaire (valeurs 0 ou 1), il est converti en binaire à l'aide de la fonction "imbinarize".

#### **Étape 2 : Filtre Canny**

- Le masque binaire est ensuite soumis au filtre Canny, qui est un filtre spécialisé dans la détection précise des contours.
- Le filtre Canny produit un masque avec des valeurs logiques (0 ou 1) indiquant si un pixel est sur la bordure d'un objet.

#### **Étape 3 : Extraction et traçage du contour des contours**

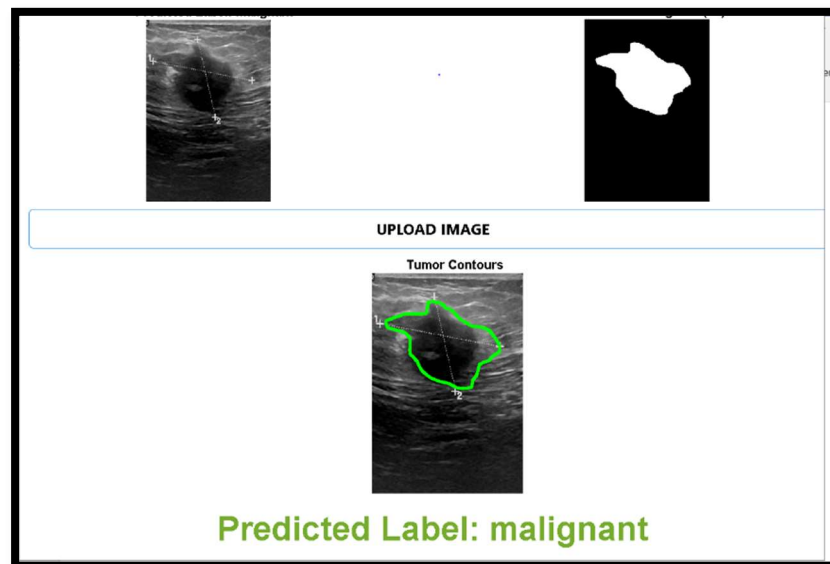
- Les contours sont extraits du masque Canny à l'aide de la commande "bwperim".
- Enfin, les contours extraits sont tracés sur l'image originale à l'aide de la commande "bwboundaries".

#### **III.4.3.2 Résultats de configuration de l'interface :**

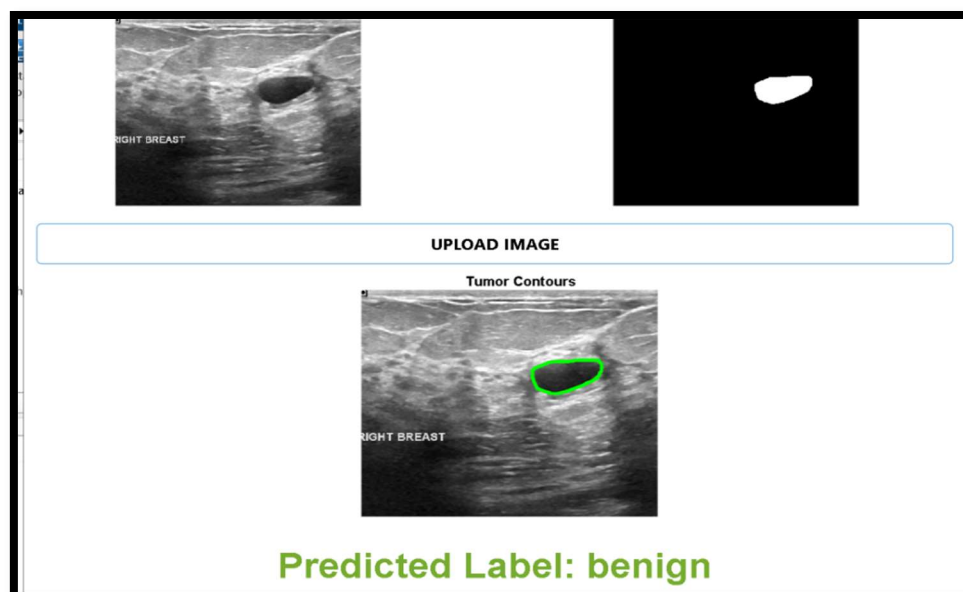
Afin de valider la précision de notre interface en matière de classification et de détection tumorale, nous avons effectué des tests en utilisant des images de notre base de données.

Pour ce faire, nous avons exécuté notre programme et sélectionné des images de la base de données sur lesquelles notre réseau a été entraîné. Nous avons ensuite observé si le réseau parvenait à les classer correctement.

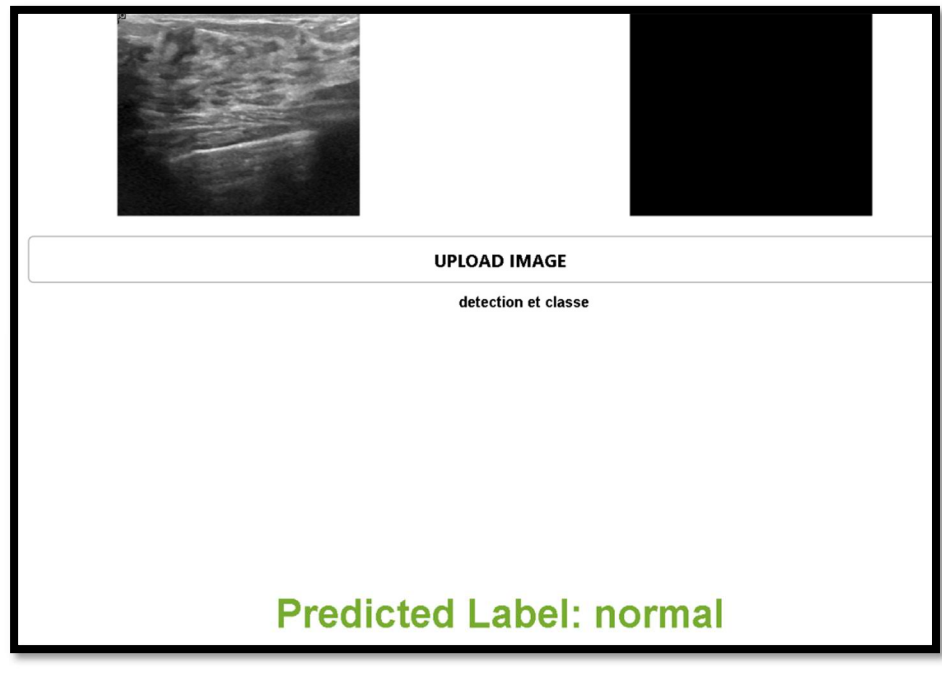
Les résultats obtenus sont illustrés sur les figures III.13, 14 et 15 suivantes :



**FIGURE III.13.** Résultat de test de détection d'une tumeur maligne sur une image échographique.



**FIGURE III.14.** Résultat de test de détection d'une tumeur bénigne sur une image échographique.



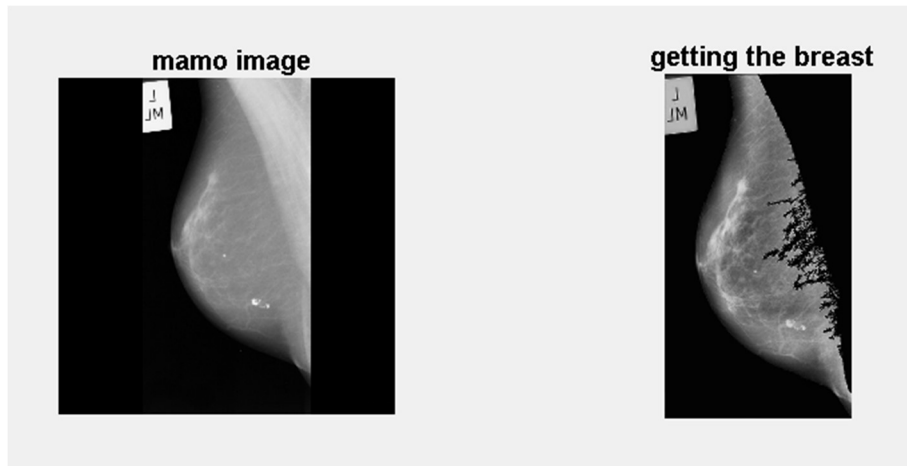
**FIGURE III.15.** Résultat de test de détection bénigne d'une tumeur sur une image échographique.

Les résultats obtenus sur ces images, ainsi que sur des centaines d'autres images testées, démontrent la performance de notre modèle CNN pour la détection des tumeurs dans les images échographiques.

### **III.4.4 LIMITES DU SYSTEME**

#### **III.4.4.1 Limite du système de prétraitement**

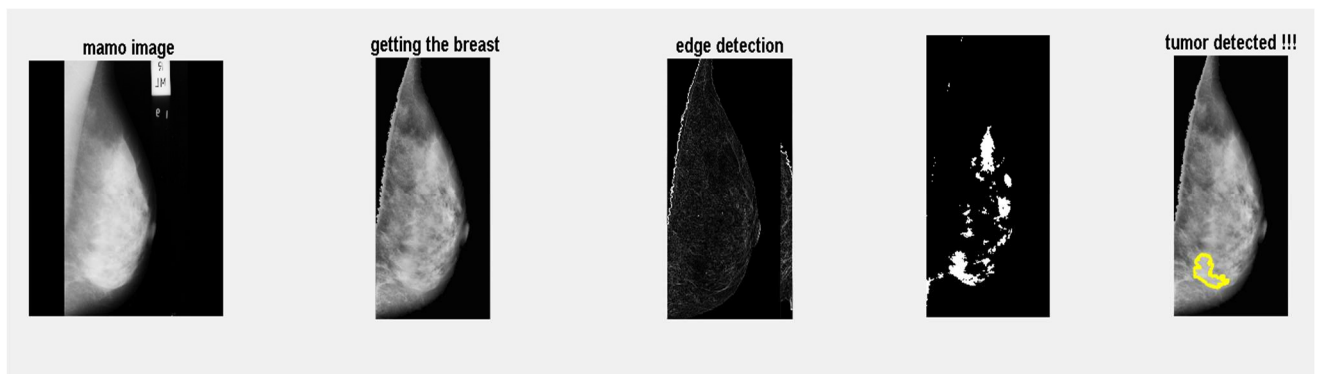
Le prétraitement des images n'est pas toujours possible. Dans certains cas, l'étiquette ne peut pas être éliminée, et dans d'autres, une partie du sein est supprimée avec le muscle pectoral, voire la totalité du sein. Ces problèmes peuvent être liés à un seuillage inapproprié ou à une détection erronée des régions d'intérêt, conduisant à un prétraitement incorrect. Par exemple, sur l'image FIGURE III.16, l'étiquette n'a pas été supprimée, et la suppression du muscle a entraîné la perte d'une partie du sein.



**FIGURE III.16.** Mauvais prétraitement.

**III.4.4.2 limites du système de détection tumorale :**

Le seuil de 0,7 pour l'isolement des régions à forte solidité peut parfois échouer, conduisant à l'identification erronée de tissus normaux comme tumoraux. Par exemple, l'image III.17 est classée comme normale par la société MIAS, tandis que notre code identifie une partie de cette image comme tumeur.



**FIGURE III.17.** Détection d'un faux contour tumoral.

**III.4.4.2 limites du système de classification :**

Bien que le modèle CNN que nous avons développé semble performant dans la classification des images échographiques, mais reste incapable de classer les images mammographiques, même après leur prétraitement.

### **III.5. CONCLUSION**

Ce chapitre a présenté le développement d'une application d'analyse d'images dédiée à la détection des tumeurs du sein. Nous avons détaillé les étapes de conception, de développement et de validation de l'application, qui comprend :

- Interface utilisateur intuitive : Permettant aux utilisateurs de charger et d'analyser facilement des images médicales.
- Détection de tumeurs : Identification des contours de la tumeur et classification de sa nature à l'aide d'un modèle CNN.
- Traitement d'images : Application de techniques de prétraitement pour améliorer la qualité des mammographies et optimiser la performance de l'application.

L'application a démontré une efficacité notable dans l'identification des tumeurs mammaires sur les échographies. Cependant, des améliorations sont nécessaires pour optimiser son application aux mammographies. Des recherches futures se concentreront sur l'amélioration des performances du système sur ce type d'images, en explorant des techniques avancées de traitement d'images et d'apprentissage profond.

## **CONCLUSION GÉNÉRALE**

Ce travail de projet de fin d'étude a exploré le potentiel des réseaux de neurones convolutifs (CNN) pour la classification des tumeurs à partir d'images médicales. Nous avons démontré la faisabilité d'une approche basée sur l'intelligence artificielle (IA) pour améliorer les diagnostics et la prise en charge des patients.

Notre étude a débuté par une présentation des méthodes traditionnelles de détection des tumeurs en imagerie médicale, mettant en lumière les limitations de ces approches. Nous avons ensuite développé une interface de diagnostic assisté par ordinateur basée sur MATLAB, un logiciel puissant et flexible pour le traitement d'images médicales. Cette interface intègre un modèle CNN, qui a fait ses preuves dans la classification d'images.

Pour évaluer notre modèle, nous avons utilisé un ensemble de données d'échographies et de mammographies, afin de détecter et de classifier les anomalies présentes. Les résultats obtenus sont encourageants, démontrant une capacité remarquable du CNN à déterminer la nature des tumeurs dans les images échographiques avec une précision élevée, mais par contre il reste limité devant les images mammographiques.

Néanmoins, il est important de souligner que notre étude n'est qu'un premier pas dans l'intégration de l'IA aux applications d'imagerie médicale.

Pour améliorer d'avantage la précision et la fiabilité de notre modèle, des axes de développement futurs s'avèrent nécessaires :

- Augmentation de la taille des bases de données d'entraînement : Un ensemble de données plus vaste et plus diversifié permettra d'accroître la robustesse et les performances du CNN.
- Validation clinique : La validation de notre plateforme avec des données réelles provenant de patients permettra d'évaluer son efficacité et sa pertinence clinique.
- Exploration de nouvelles architectures de CNN : Des recherches sur de nouvelles architectures de CNN pourraient permettre d'augmenter la précision de la détection et de l'analyse.
- Extension à d'autres pathologies : L'adaptation de ces modèles à la détection d'autres pathologies ouvrira de nouvelles perspectives pour l'IA en imagerie médicale.

## CONCLUSION GÉNÉRALE

- Développement d'interfaces utilisateurs conviviales : La création d'interfaces intuitives facilitera l'adoption et l'utilisation de ces technologies par les cliniciens.

L'intelligence artificielle est en constante évolution et offre un potentiel énorme pour révolutionner la médecine. Ce travail constitue un jalon dans la mise en œuvre de l'IA pour l'imagerie médicale. Les perspectives futures pourraient contribuer à améliorer la qualité de la prise en charge des patients.

## **REFERENCES BIBLIOGRAPHIQUES**

- [1] <https://www.aps.dz/sante-science-technologie/135029-cancer-l-algerie-enregistre-pres-de-50-000-nouveaux-cas-annuellement>
- [2] Sorensen, J. A., & Jr, J. W. (2011). *Medical Imaging: Principles and Applications*. John Wiley & Sons.
- [3] Duerk, A., et al. (2016). The Role of Metadata in Medical Imaging. *Journal of Digital Imaging*, 29(6), 747-757.
- [4] Jain, A., et al. (2019). Challenges in Medical Image Analysis. *Journal of Medical Imaging and Health Informatics*, 5(1), 1-10.
- [5] Khan, M. T., et al. (2021). Artificial Intelligence in Medical Imaging: A Review. *Journal of Healthcare Engineering*, 2021, 1-21.
- [6] Anitha, A. S. R., et al. (2021). Convolutional Neural Networks for Medical Image Analysis: A Comprehensive Review. *Journal of Medical Systems*, 45(7), 1-31.
- [7] Marius Ilié et Jean-François Emile, « Généralités sur les tumeurs », Pathologie générale (DFGSM), cours PDF.
- [8] Hanahan, D., & Weinberg, R. A. Hallmarks of cancer: the next generation. *Cell*, 144(5), 646-674. (2011).
- [9] <https://www.sopathol.org/564-manuel-5-generalites-sur-les-tumeurs-cellule-et-tissu-cancereux.html> (consulté le 03/06/2024).
- [10] <https://www.prostate.fr/cancer-de-la-prostate/mecanismes-origine/> (consulté le 03/06/2024).
- [11] Cancer Research UK. *How Cancer Starts*. Cancer Research UK; 2014: <http://www.cancerresearchuk.org/about-cancer/what-is-cancer/how-cancer-starts> (consulté le 03/06/2024).
- [12] Bray, F., Ferlay, J., Soerjomataram, I., Siegel, R. L., Torre, L. A., & Jemal, A. (2018). Global cancer statistics: GLOBOCAN estimates of incidence and mortality worldwide for 36 cancers in 185 countries. *CA: a cancer journal for clinicians*, 68(6), 394-424. 2018.
- [13] <https://amavea.org/tumeur-benigne-versus-tumeur-maligne-jargon-medical/> (consulté le 03/06/2024).
- [14] American Cancer Society ([www.cancer.org](http://www.cancer.org)).

- [15] National Cancer Institute ([www.cancer.gov](http://www.cancer.gov)).
- [16] <https://www.e-cancer.fr/Comprendre-prevenir-depister/Qu-est-ce-qu-un-cancer/Mecanisme-de-cancerisation> (consulté le 03/06/2024)
- [17] <https://www.ateurope.org/fr/ataxie-telangiectasie/deficit-immunitaire/121-systeme-immunitaire.html> (consulté le 03/06/2024)
- [18] Dunn GP, Old LJ, Schreiber RD. The immunobiology of cancer immunoediting. *Immunity*. 2004 Sep;21(2):137-48. doi: 10.1016/j.immuni.2004.07.017. PMID: 15308095.
- [19] Chen DS, Mellman I. Elements of cancer immunity and the cancer-immune set point. *Nature*. 2017 Jan 19;541(7637):321-330. doi: 10.1038/nature21349. PMID: 28102259.
- [20] Ribas A, Wolchok JD. Cancer immunotherapy using check point blockade. *Science*. 2018 Apr 27;359(6382):1350-1355. doi: 10.1126/science.aar4060. PMID: 29674509.
- [21] OneCareMedia. Testing.com: Urinalysis. Seattle, WA: 2016: <https://www.testing.com/>
- [22] Diagnostic du cancer - Hématologie et oncologie - Édition professionnelle du Manuel MSD
- [23] *Nicolas Penel*, « le cancer : diagnostic » ; Fondation arc pour la recherche sur le cancer, PDF <https://fondation-arc.org/cancer/cancer-le-diagnostic> mis à jour le 23-02-2022. (consulté le 03/06/2024)
- [24] <https://www.ramsaysante.fr/> (Groupe Ramsay Santé). (Consulté le 03/06/2024)
- [25] Smith-Bindman R, et al. Radiation Dose Associated With Common Computed Tomography Examinations and the Associated Lifetime Attributable Risk of Cancer. *Arch Intern Med*. 2009;169(22):2078-2086.
- [26] <https://cancer.ca/fr/treatments/tests-and-procedures/mammography> mis à jour 2024 (consulté le 03/06/2024)
- [27] <https://www.futura-sciences.com/tech/definitions/intelligence-artificielle-deep-learning-17262/> (consulté le 03/06/2024)
- [28] O'Connor JP, et al. Imaging intratumor heterogeneity: role in therapy response, resistance, and clinical outcome. *Clin Cancer Res*. 2015 ;21(2) :249-257.
- [29] F. Brunelle, P. Brunelle, REVUE GÉNÉRALE, Intelligence artificielle et imagerie médicale : définition, état des lieux et perspectives.

- [30] Sarah Madeleine, « Détection et segmentation en imagerie médicale : les familles de modèles d'apprentissage automatique », de « Introduction aux familles de modèles d'apprentissage automatique profond pour la détection d'objets en imagerie médicale » / <https://www.imaios.com/> Mis à jour le 31/03/2022.
- [31] Haissam HAIDAR AHMAD, Mohammed Alamin HAMID SALIH, Alison LUANGRATH , Théo SEDE ,Lucas ZUGAJ, « Intelligence Artificielle et Imagerie Médicale » IDS - travaux master Ingénierie de la santé, Projets, Public, 2021-2022.
- [32] MEZAGUER Smail, "Classification Par Réseaux de Neurones Application Aux Image Médicales Cérébrales" mémoire de master, université UMMTO, pp14, 2013
- [33] <https://www.who.int/fr> site officiel de l'OMS (consulté le 14.06.2024)
- [34] <https://www.kaggle.com/datasets/kmader/mias-mammography> (consulté le 14.06.2024)
- [35] Al-Dhabyani W, Gomaa M, Khaled H, Fahmy A. Ensemble de données d'images d'échographie mammaire. Données en bref. 2020 févr. ; 28 : 104863. DOI : 10.1016/j.dib.2019.104863.
- [36] <https://www.mammoimage.org/databases/> (consulté le 14.06.2024)
- [37] Bhagirathi Halalli, Aziz Makandar, "Pre-processing of Mammography Image for Early Detection of Breast Cancer", PDF, International Journal of Computer Applications (0975 – 8887) Volume 144 – No.3, June 2016
- [38] <https://fr.mathworks.com/help/images/ref/regionprops.html> (consulté le 15.06.2024)
- [39] <https://ieeexplore.ieee.org/stamp/stamp.jsp?arnumber=4310076> (consulté le 15.06.2024)
- [40] NABGHA Khadidja, KHANNOUSSI Mabrouka « Bruit et filtrage : filtre de Wiener » mémoire mastèr, Université Ahmed Draïa Adrar, pp36, 2017/2018.
- [41] <https://vincmazet.github.io/bip/restoration/deconvolution.html> (consulté le 15.06.2024)
- [42] Kim, Yu-Joong, Dong-Min Son, and Sung-Hak Lee. 2024. "Retinex Jointed Multiscale CLAHE Model for HDR Image Tone Compression" *Mathematics* 12, no. 10: 1541.
- [43] [https://siril.readthedocs.io/fr/latest/index.html/Egalisation d'histogramme adaptatif limité par contraste \(CLAHE\)](https://siril.readthedocs.io/fr/latest/index.html/Egalisation%20d%27histogramme%20adaptatif%20limité%20par%20contraste%20(CLAHE))

- [44] <https://fr.mathworks.com/help/images/ref/imsegfmm.html> (consulté le 16.06.2024)
- [45] <https://www.ibm.com/frfr/topics/neuralnetworks#:~:text=Tous%20les%20r%C3%A9seaux%20neuronaux%20sont,poids%20et%20un%20seuil%20associ%C3%A9s> (consulté le 18.06.2024)
- [46] <http://www.natural-solutions.eu/> (consulté le 18.06.2024)
- [47] <https://fr.blog.businessdecision.com/tutoriel-machine-learning-comprendre-ce-quest-un-reseau-de-neurones-et-en-creer-un/> (consulté le 21.06.2024)
- [48] <https://fr.blog.businessdecision.com/> (consulté le 21.06.2024)
- [49] TOUAHRI Radia, « L'apprentissage profond pour la classification et l'interprétation des images », Université Badji Mokhtar – Faculté des Sciences de l'Ingénierat Département d'informatique, PDF.
- [50] <https://datascientest.com/fonctionnement-des-reseaux-neurones> (consulté le 21.06.2024)
- [51] <https://www.data-bird.co/blog/reseaux-de-neurones> (consulté le 28.06.2024).
- [52] <https://openclassrooms.com/fr/courses/4470531classezetsegmentezdesdonneesvisuelles/5082166-quest-ce-quun-reseau-de-neurones-convolutif-ou-cnn>(consulté le 28.06.2024).
- [53] <https://fr.mathworks.com/discovery/convolutional-neural-network.html>(consulté le 02.07.2024).
- [54] M r Mokri Mohammed Zakaria, « Classification des images avec les réseaux de neurones convolutionnels », Université Abou Bakr Belkaid Tlemcen Faculté Des Sciences Département D'informatique,2017,PDF.
- [55] <https://blent.ai/blog/a/cnn-comment-ca-marche>(consulté le 02.07.2024).
- [56] <https://yannicksergeobam.medium.com/comprendre-les-r%C3%A9seaux-de-neurones-convolutifs-cnn-d5f14d963714> (consulté le 02.07.2024).
- [57] <https://www.datascientetoday.net/index.php/en-us/deep-learning/173-les-reseaux-de-neurones-convolutifs> (consulté le 07.07.2024).
- [58] <https://blent.ai/blog/a/cnn-comment-ca-marche> (consulté le 07.07.2024).
- [59] T. Wang et al., "Deep learning for breast cancer detection using mammography," IEEE Transactions on Medical Imaging, vol. 37, no. 2, pp. 464-473, 2018.

- [60] S. Li et al., "Deep learning for brain tumor segmentation and diagnosis using MRI," IEEE Transactions on Medical Imaging, vol. 38, no. 2, pp. 416-425, 2019.
- [61] Haissam Haidar Ahmad, Mohamed Alamin Hamid Salih, Alison Luangrath, Théo Sede, Lucas Zugaj, « intelligence-artificielle-et-imagerie-médicale » Ingénierie biomédicale. 2022. dumas-03847274.

# ANNEXES

## Annexe 1. Fenêtre d'importation des données dans DEEP NETWORK DESIGNER.

Import Image Classification Data

**TRAINING**

Import image classification data for training.

Data source: Folder

Select a folder with subfolders of images for each class.

Browse

**AUGMENTATION OPTIONS**

Random reflection axis X:  Y:

Random rotation (degrees) Min: 0 Max: 0

Random rescaling Min: 1 Max: 1

Random horizontal translation (pixels) Min: 0 Max: 0

Random vertical translation (pixels) Min: 0 Max: 0

**VALIDATION**

Import validation data to help prevent overfitting.

Data source: Split from training data

Specify amount of training data to use for validation.

Percentage: 60  Randomize

Images will be resized during training to match network input size.

Help Import Cancel

## Annexe 2. Paramètres d'entraînement de réseau de neurone.

Training Options

**SOLVER**

Solver: adam

InitialLearnRate: 0.001

**BASIC**

ValidationFrequency: 30

MaxEpochs: 20

MiniBatchSize: 128

ExecutionEnvironment: auto

**ADVANCED**

L2Regularization: 0.0001

GradientThresholdMethod: l2norm

GradientThreshold: 0.1

ValidationPatience: Inf

Shuffle: every-epoch

CheckpointPath:

LearnRateSchedule: none

LearnRateDropFactor: 0.1

LearnRateDropPeriod: 10

ResetInputNormalization:

GradientDecayFactor: 0.9

Epsilon: 1e-08

SquaredGradientDecayFactor: 0.999

Close

## **Résumé**

Les réseaux de neurones convolutifs (CNN) sont actuellement considérés comme les outils d'IA les plus performants pour la détection des tumeurs. Dans notre travail, nous avons exploité les capacités du logiciel MATLAB pour analyser un ensemble d'images tumorales provenant d'échographies et de mammographies. En utilisant des méthodes d'analyse des propriétés des régions d'intérêt dans les images, nous avons pu détecter les zones tumorales, les délimiter par un contour, et ensuite classifier leur nature à l'aide d'un modèle CNN développé dans l'environnement DEEP NETWORK DESIGNER de MATLAB.

## **Mots clefs :**

Tumeurs, imagerie médicale, détection des contours, intelligence artificielle, Deep learning, réseaux de neurones convolutifs (CNN), classification.

## **Abstract**

Convolutional neural networks (CNNs) are currently considered the most powerful AI tools for tumor detection. In our work, we have exploited the capabilities of MATLAB software to analyze a set of tumor images from ultrasound and mammography scans. Using methods for analyzing the properties of regions of interest in the images, we were able to detect tumor areas, outline them and then classify their nature using a CNN model developed in MATLAB's DEEP NETWORK DESIGNER environment.

## **Keywords:**

Tumors, medical imaging, edge detection, artificial intelligence, deep learning, convolutional neural networks (CNN), classification.

## **ملخص**

حاليا تعتبر الشبكات العصبية التلافيفية (سي إن إن) من أكثر أدوات الذكاء الاصطناعي فعالية للكشف عن الأورام. في عملنا هذا، قمنا باستغلال قدرات برنامج ماتلاب لتحليل مجموعة من صور الأورام المأخوذة من فحوصات الموجات فوق الصوتية والتصوير الإشعاعي للثدي. من خلال ماتلاب و باستخدام طرق تحليل خصائص المناطق ذات الأهمية في الصور، تمكنا من اكتشاف مناطق الورم و تحديدها ثم تصنيف طبيعتها باستخدام نموذج سي إن إن تم تطويره في بيئة التصميم الشبكي العميق لماتلاب.

## **الكلمات المفتاحية**

الأورام، تصوير إشعاعي، ذكاء إصطناعي، التعلم العميق، الشبكات العصبية التلافيفية، تصنيف.

## **Agzul**

Iẓeḍwan n tnefsit n tmezḍiyin (CNN) ttwalin-ten, ass-a, d allalen n tmussni n tmezḍiyin ijehden akk i uferru n iyedduyen ladya wid ikensiren.

Deg umahil-nney, nessexdem tizemmar n usmel MATLAB akken ad nessezg yiwet n tmezgunt n tugniwin n tmezḍuyt si tugniwin n tujya ultrasound d mammogramme. S useqdec n ttawilat n usnefli n tyawsiwin n temnaḍin n tmuyli deg tugniwin, nezmer ad d-naf timnaḍin n tmezḍiyin, ad tent-nebḍu s tmezḍiyin, sakkin ad nessemgired ayawas-nsent s useqdec n umḍan n CNN i d-yettwasnulfan deg twennaḍt n DEEP NETWORK DESIGNER n MATLAB.

## **Awalen igejdanen**

Ayeddu, tugniwin n tujya, asekcem n tlemmast, tmusni n tmezḍit, Almud alqayan, izeḍwan n tnefsit n tmezḍit (CNN), tasnilest.