

N° d'ordre :  
N° de série :

**RÉPUBLIQUE ALGÉRIENNE DÉMOCRATIQUE ET POPULAIRE**  
**Ministère de l'Enseignement Supérieur et de la Recherche Scientifique**



**UNIVERSITE ECHAHID HAMMA LAKHDAR - EL OUED**  
**FACULTÉ DES SCIENCES EXACTES**  
**Département D'Informatique**



**Mémoire de Fin D'étude**  
**Présenté pour l'obtention du Diplôme de**

# **MASTER ACADEMIQUE**

Domaine : **Mathématique et Informatique**  
Filière : **Informatique**  
Spécialité : **Systèmes Distribués et Intelligence Artificielle**

Présenté par :

- **Belhadi Nour**
- **Gobbi Asma**

## **Thème**

# **Classification des tumeurs mammaires basée Deep learning**

Soutenu le 22-09- 2021 Devant le jury:

M.	Khebbache Mohib Eddine	MAA	Président
M.	Bali Mouad	MAA	Rapporteur
Dr.	Hamoud Meriem	MCB	Encadreur

**Année Universitaire: 2020/2021**



# ***Remerciements***

*La réalisation de ce mémoire a été possible grâce au ALLAH et concours de plusieurs personnes à qui nous voudrions témoigner toute nos reconnaissances.*

*Nous voudrions tout d'abord adresser toute nos gratitude à nos encadreur de ce mémoire, Dr.Hamoud Mariem, pour sa patience, sa disponibilité et surtout ses judicieux conseils, que ont contribué à alimenter nos réflexion.*

*Un grand merci à nos familles pour leur confiance et, leur aide, leur générosité et leur soutien, ils ont grandement facilité notre travail.*

*Nous voudrions exprimer notre reconnaissance envers les amis et collègues qui nous ont apporté leur support moral et intellectuel tout au long de notre démarche.*

*Enfin, nous tenons à témoigner toute ma gratitude à les membres estimés du jury qui ont accepté l'évaluation Ce travail.*

# *Dédicaces*

*Nos mères.*

*Nos pères.*

*Nos frères.*

*Nos sœurs.*

*Nos amis.*

*Et tous ceux qui nous ont aidés.*

# Résumé

En 2019, le cancer du sein était classé comme la maladie la plus malveillante chez les femmes dans le monde, représentant 30 % des cas de cancer nouvellement diagnostiqués et environ 15 % des décès par cancer. En effet, la révolution des images numériques dans la science médicale a donné un avantage à l'intelligence artificielle pour la détection du cancer basée les systèmes CAD de diagnostic automatique. Dans cette direction, l'apprentissage en profondeur a stimulé les systèmes de santé modernes en ouvrant la voie à la recherche et au développement de pointe en matière de soins de santé. Dans ce travail, nous gérons simultanément des tâches de détection et de classification des tumeurs du sein via le modèle U-net d'apprentissage profond pour la segmentation des tumeurs ainsi que l'algorithme SVM pour distinguer les lésions malignes des bénignes basées sur des modèles de lois puissance, à savoir, Zipf et Zipf inverse ainsi que les filtre de Gabor pour la caractérisation de la texture.

Malgré les résultats encourageants de la classification des tumeurs du sein, cependant ; les complexités de la mémoire et le temps long de prédiction demeurent des tendances futures importantes.

**Mots clés :** cancer du sein, tumeur, segmentation, le modèle U-net, classification, système CAD, intelligence artificielle, apprentissage profond, lois puissance, filtres de Gabor, SVM.

# Abstract

By 2019, breast cancer was categorized as the most mischievous disease among women around the world, accounting for 30% of newly diagnosed cancer cases and about 15% of cancer deaths. Indeed, digital images revolution in medical science has given an edge to artificial intelligence for cancer detection-based CAD system. In this direction, deep learning has boosted modern healthcare systems with paving the way for advanced healthcare research and development. In this work, we handle tasks of breast tumor detection and classification simultaneously through a framework based deep learning with U-net model for tumors segmentation and SVM algorithm for the classification process to distinguish malignant lesions from benign ones based power laws models of Zipf and inverse Zipf and Gabor filters for texture characterization.

Despite the encouraging breast tumors classification results, however ; memory complexities and long prediction time remain as important future trends.

**Key words** : breast cancer, tumor, segmentation, U-net model, classification, CAD system, artificial intelligence, deep learning, power laws, Gabor filters, SVM.

## الملخص:

في عام 2019، تم تصنيف سرطان الثدي كأكثر الأمراض الخبيثة عند النساء في العالم، حيث يمثل 30% من الحالات التي شخّصت حديثاً وحوالي 15% حالة وفاة. والواقع أن ثورة الصور الرقمية في مجال العلوم الطبية أعطت ميزة للذكاء الاصطناعي من أجل اكتشاف السرطان بالاعتماد على نظام CAD في التشخيص الآلي. وفي هذا الاتجاه، أدى التعلم العميق إلى تحفيز الأنظمة الصحية الحديثة عن طريق تمهيد الطريق للبحوث والتطورات في مجال الرعاية الصحية. وفي هذا العمل، سوف نقوم في الوقت نفسه بعمليات الكشف و تصنيف أورام الثدي عن طريق نموذج U-net للتعلم العميق لتجزئة الأورام وكذلك الخوارزمية لتميز الاصابات الخبيثة عن الحميدة استنادا إلى نماذج من قوانين القوة، ZIPf و ZIPf inverse وكذلك مرشحات Gabor لتحديد خصائص النسيج.

ولكن على الرغم من النتائج المشجعة لتصنيف أورام الثدي ومع ذلك، التعقيدات للذاكرة والوقت، ويظل الوقت الطويل للتنبؤ يمثل اتجاهات مستقبلية هامة.

**الكلمات المفتاحية:** سرطان الثدي، سرطان، التجزئة، موديل U-net ، تصنيف، نظام CAD ، الذكاء الاصطناعي، التعلم العميق، قانون القوة، مرشح Gabor، و SVM .

# Table des matières

Table des figures . . . . .	xi
Liste des tableaux . . . . .	xii
Acronyms . . . . .	xiii
<b>Introduction générale</b>	<b>xiv</b>
<b>I Analyse d'image basée le descripteur puissant de la vision par ordinateur : la texture</b>	<b>19</b>
1 Introduction . . . . .	20
2 Rapport entre l'analyse d'image et la vision par ordinateur . . . . .	20
3 Analyse d'image . . . . .	21
3.1 Analyse de bas niveau d'image . . . . .	22
3.2 Analyse de haut niveau d'image . . . . .	23
4 Analyse de la texture d'image . . . . .	23
4.1 Définition de la texture . . . . .	23
4.2 Classification des approches de caractérisation de la texture d'image . . . . .	23
5 Problématiques liées à d'analyse de la texture des images . . . . .	24
5.1 Segmentation de la texture . . . . .	25
5.2 Classification de la texture . . . . .	25
5.3 Synthèse de la texture . . . . .	25
6 Conclusion . . . . .	25
<b>II Caractérisation de la texture des images par les lois de Zipf et de Zipf inverse</b>	<b>26</b>
1 Introduction . . . . .	27
2 Modèles de loi de puissance . . . . .	27
2.1 Définition d'une loi puissance . . . . .	27

2.2	Loi de Zipf . . . . .	28
2.3	Loi de Zipf inverse . . . . .	29
3	Application des lois puissance en analyse d'images . . . . .	29
3.1	Analyse d'image par la loi de Zipf . . . . .	29
3.2	Analyse des images par la loi de Zipf inverse . . . . .	30
3.3	Codage de l'image . . . . .	30
3.4	Représentation graphique de la modélisation des images par les lois de Zipf et de Zipf inverse . . . . .	33
4	Conclusion . . . . .	35

**III Apprentissage automatique et l'apprentissage profond en action : état de l'art sur le pronostic automatique du cancer du sein 36**

1	Introduction . . . . .	37
2	Cancer du sein . . . . .	37
2.1	Types de cancer du sein . . . . .	38
2.2	Mammographie de dépistage de cancer du sein . . . . .	39
2.3	Limites de la mammographie . . . . .	40
3	Diagnostic assisté par ordinateur (CAD) des tumeurs dans la mammographie . . . . .	42
3.1	Détection des tumeurs assistée par ordinateur (CADE) . . . . .	44
3.2	Diagnostic des tumeurs assisté par ordinateur (CADx) . . . . .	45
4	Paradigmes de l'apprentissage automatique . . . . .	45
4.1	Que désignons-nous par l'apprentissage automatique et quel est son rôle dans le domaine médical? . . . . .	45
4.2	Différents types d'apprentissage automatique . . . . .	46
4.3	Algorithmes de l'apprentissage automatique . . . . .	47
4.4	Application de l'apprentissage automatique pour l'aide au diagnostic médical de cancer du sein . . . . .	50
5	Paradigmes de l'apprentissage profond . . . . .	54
5.1	Que désignons-nous par l'apprentissage profond et quel est son rôle dans le domaine médical? . . . . .	54
5.2	Réseaux de neurones à convolution . . . . .	57
5.3	Application de l'apprentissage profond pour l'aide au diagnostic médical de cancer du sein . . . . .	60

6	Conclusion . . . . .	62
<b>IV Problématique, approche proposée de pronostic automatique de cancer du sein et</b>		
<b>évaluation des résultats obtenus</b>		<b>63</b>
1	Introduction . . . . .	64
2	Problématique et plan d'action . . . . .	64
3	Segmentation des tumeurs mammaires dans les mammographies basée Deep Learning . . . . .	68
3.1	Base de données utilisée . . . . .	68
3.2	Pipeline basé l'algorithme VGG U-Net pour la segmentation des tumeurs mammaires . . . . .	69
4	Classification des tumeurs mammaires basée SVM . . . . .	76
4.1	Régions d'intérêt utilisées . . . . .	76
4.2	Pipeline basé l'algorithme des SVM pour la classification des tumeurs mammaires . . . . .	76
5	Schématisations de l'approche proposée . . . . .	86
6	Evaluation de l'approche proposée de pronostic automatique de cancer de sein .	87
6.1	Environnement de développement . . . . .	87
6.2	Outils utilisés . . . . .	88
6.3	Logiciel . . . . .	89
6.4	Evaluation des performances de l'approche proposées de pronostic automatique de cancer de sein . . . . .	90
7	Fonctionnement du système développé . . . . .	93
8	Explication du code . . . . .	95
9	Conclusion . . . . .	99
<b>Conclusion générale</b>		<b>xvii</b>
<b>Bibliographie</b>		<b>xx</b>

# Table des figures

I.1	Processus d'analyse d'image et de vision par ordinateur. . . . .	21
II.1	Représentation d'une loi puissance dans un repère linéaire. . . . .	28
II.2	Motif original d'une image en (a) et son encodage par la méthode des neuf classes en (b). . . . .	32
II.3	Motif original d'une image en (a) et son encodage par la méthode des rangs généraux en (b). . . . .	33
II.4	Courbe de Zipf d'une tumeur maligne. . . . .	34
II.5	Courbe de Zipf inverse d'une tumeur maligne. . . . .	35
III.1	Différents types de microcalcification présentes dans les mammographies. En a : Microcalcifications cutanées ou dermiques, en b : Microcalcifications vasculaires, en c : Microcalcifications grossières ou coralliformes, en d : Microcalcifications en bâtonnets, en e : Microcalcifications rondes, en f : Microcalcifications à centres clairs, en g : Microcalcifications en coquille d'œuf ou pariétales, en h : Microcalcifications à type de lait calcique, en i : Microcalcifications de suture, en j : Microcalcifications dystrophiques, en k : Microcalcifications amorphes ou indistinctes, en l : Microcalcifications fines et polymorphes et en m : Microcalcifications linéaires et ramifiées. Source [26] . . . . .	42
III.2	Système CAD complet élaborant la segmentation, la localisation ainsi que la classification des tumeurs mammaires. Source [6] . . . . .	44
III.3	Modélisation du concept des machines à vecteurs de support où nous distinguons la recherche d'un hyperplan optimal de séparation. . . . .	48
III.4	À gauche : un neurone artificiel. À droite : un réseau de neurones artificiels. Source [25] . . . . .	50
III.5	Exemple d'un réseau de neurones à convolution. Source [25] . . . . .	58

III.6	Processus de max-pooling où la fenêtre de filtre se déplace de deux pixels vers la droite (stride/pas = 2).	59
IV.1	Exemples de mammographies brutes et de leurs masques binaires respectifs.	68
IV.2	Étapes du prétraitement appliqué aux mammographies. Source [63]	71
IV.3	Architecture du modèle VGG U-Net utilisé pour la segmentation des tumeurs. Source [63]	73
IV.4	Exemple simplifié de calcul de l'IoU pour une segmentation prédite. Source [63]	74
IV.5	Régions d'intérêt détectées avec des IoU de l'ordre de 0,20 où les régions du milieu représentent les masques du ground truth, les régions complètement à droite représentent les masques prédits du modèle.	74
IV.6	Régions d'intérêt détectées où les régions du milieu désignent les masques du ground truth, et les régions complètement à droite représentent les masques prédits du modèle.	75
IV.7	Étapes du post-traitement appliqué aux mammographies.	76
IV.8	Pipeline suivi pour la classification des tumeurs mammaires. Source [64].	77
IV.9	Courbes de Zipf et de Zipf inverse d'une zone d'intérêt portant une tumeur bénigne.	79
IV.10	Courbes de Zipf et de Zipf inverse d'une zone d'intérêt portant une tumeur maligne.	80
IV.11	Différents filtres de Gabor utilisés dans le domaine fréquentiel.	84
IV.12	Parties réelles des filtres de Gabor utilisés.	84
IV.13	Parties réelles des régions d'intérêt filtrées.	85
IV.14	Magnitude de la réponse du filtre de Gabor suite à la convolution de la tumeur maligne avec une banque de filtres de Gabor.	85
IV.15	Aperçu schématique de l'intégration du Deep Learning pour la segmentation des tumeurs mammaires en vue d'un pronostic automatique de cancer de sein.	87
IV.16	Matrice de confusion de notre SVM model.	91
IV.17	Interface login du système <b>mmo-classification</b> .	94
IV.18	Interface principale du système <b>mmo-classification</b> . Avec affichage de resultat de SVM model.	94
IV.19	Pretraitement dataset	95
IV.20	Segmentation model	96
IV.21	Post-traitement(cropping) images	97
IV.22	Extraire feateurs	98

IV.23SVM model . . . . . 99

# Liste des tableaux

- II.1 Partitionnement des niveaux de gris en 9 classes. . . . . 31
  
- III.1 Approches CAD basées apprentissage automatique de diagnostic de cancer du sein. . . . . 54
- III.2 Approches CAD basées apprentissage profond de diagnostic de cancer du sein . 62
  
- IV.1 Comparaison de l’approche proposée vis-à-vis des approches de l’état de l’art pour le pronostic automatique de cancer de sein . . . . . 93

# Acronyms

ANN Artificial Neural Networks.

CAD Computer Aided Design.

CADe Computer Aided Detection.

CADx Computer Aided Diagnosis.

CNN Convolutional Neural Network.

DL Deep Learning.

DNN Deep Neural Network.

IOU Intersection Over Union.

IRM Imagerie par Résonance Magnétique.

ML Machine Learning.

ROI Region Of Interest.

SVM Support Vector Machine.

VGG Visual Geometry Group.

# Introduction générale

Le cancer du sein est l'une des principales causes de décès dans le monde chez les femmes atteintes de cancer. De plus, le nombre de nouveaux patients atteints de cette dangereuse maladie devrait augmenter de 70 % au cours des 20 prochaines années. A cet égard, un diagnostic précoce et précis pourra améliorer le pronostic et augmenter le taux de survie des patients atteints de cette maladie de 30 à 50 % en boostant l'adéquation du traitement[1].

Une solution semble la plus appropriée est le dépistage avec mammographie, désignant la modalité la plus courante pour la détection précoce de cancer du sein utilisant les rayons X à faible dose pour visualiser la structure du sein.

La détection du cancer du sein par mammographie de dépistage est une tâche difficile dans la classification des images parce que les tumeurs constituent une petite partie de l'image réelle du sein. Dans ce sens, une détection et une classification automatiques des tumeurs à un stade précoce font l'objet de divers travaux de recherche basés intelligence artificielle [2], où les techniques d'apprentissage automatique en tant que branche de l'IA, ont été mises à profit pour l'identification de nouveaux modèles à long terme et les facteurs de risque facilitant le diagnostic[3]. D'autre part, les modèles d'apprentissage en profondeur ont reçu une attention considérable dans les applications d'imagerie médicale pour diagnostiquer différentes maladies[4]. Récemment, des approches d'apprentissage en profondeur ont été proposées pour détecter et classer automatiquement les lésions dans les mammographies numériques. Ces approches utilisent des modèles d'apprentissage en profondeur à plusieurs niveaux pour une détection et une classification efficace des masses mammaires suspectes[5].

Des systèmes CAD de détection assistée par ordinateur relativement simplistes existent en mammographie depuis plusieurs décennies, ces systèmes ont traditionnellement été limités dans leur utilité et leur capacité. En revanche, suite au développement de ces nouvelles méthodes

d'apprentissage automatique et profond, la détection des malignités sur les mammographies a nettement évoluée[6]. Ces systèmes fournissent un deuxième avis aux radiologues durant le processus de détection des régions suspectes dans une mammographie. Il y a un besoin de l'analyse automatisée des mammographies afin de faciliter le processus de dépistage, ainsi que d'assister les radiologues en réduisant le travail manuel.

Selon la société américaine du cancer, le taux de mortalité par cancer du sein a diminué de 38 % par rapport à son maximum de 1989 à 2014 (en évitant environ 300 000 décès). Cette baisse de la mortalité est en partie due aux progrès du dépistage par mammographie et des modèles conventionnels de diagnostic assisté par ordinateur (CAD) [7].

Dans ce travail, nous contribuons une approche utilisant une multi-cascade d'algorithmes de détection et de classification de tumeurs dans les mammographies où des algorithmes d'apprentissage en profondeur seront combinés à des techniques d'apprentissage automatique. En effet, l'ultime but est de booster le diagnostic des lésions mammaires.

Pour le processus d'extraction de la tumeur, le détecteur d'apprentissage profond U-net est utilisé pour détecter les potentielles lésions mammaires. En effet, la détection des lésions est une étape préalable critique à la classification car l'échec de la détection, notamment à partir des muscles pectoraux et des tissus denses, conduit à une réduction significative des performances diagnostiques. D'où l'idée d'utiliser la puissance de l'apprentissage profond pour extraire les régions tumorales qui seront par la suite classifiées par les SVM.

Ce mémoire est structuré comme suit :

## **Chapitre I : Analyse d'image basée le descripteur puissant de la vision par ordinateur : la texture**

Au long du chapitre I, nous allons évoquer les concepts fondamentaux de l'analyse d'image et de la vision par ordinateur. Spécialement le descripteur puissant de la texture.

## **Chapitre II : Caractérisation de la texture des images par les lois de Zipf et de Zipf inverse**

Dans le chapitre II, nous nous focalisons sur caractérisation de la texture des images par les lois puissance : Zipf et Zipf inverse.

### **Chapitre III : L'apprentissage automatique et l'apprentissage profond en action : état de l'art sur le pronostic automatique du cancer du sein**

Quant au chapitre III, nous introduisons les paradigmes de l'apprentissage automatique et l'apprentissage profond pour le pronostic du cancer du sein.

### **Chapitre IV : Problématique, approche proposée de pronostic automatique de cancer du sein et évaluation des résultats obtenus**

Le chapitre IV sera consacré à l'approche proposée de pronostic automatique du cancer du sein où une validation des performances obtenus est prévue. Nous achèverons ce mémoire par une conclusion générale décrivant les pivots de la contribution, évidemment, suivie par les perspectives tirées.

# Chapitre I

Analyse d'image basée le descripteur puissant  
de la vision par ordinateur : la texture

## 1 Introduction

Suite à l'avènement d'Internet et des technologies modernes, désormais, nous pouvons affirmer que nous vivons dans une ère de l'image. Par conséquent, pour l'analyser pertinentes de ces données, les ordinateurs doivent avoir la puissance de « voir » une image et comprendre son contenu. En effet, c'est l'ultime enjeu de la « vision par ordinateur ».

Nous entendons par l'analyse d'image, le processus de l'extraction d'un nombre de caractéristiques pour les exprimer sous forme paramétrique. Par la suite, une phase de décision est en ordre pour répondre à des questions pertinentes comme : s'agit-il d'un tissu biologique sain sans la présence d'anomalie ou bien un tissu pathologique ?

Dans ce sens, la texture présente l'une des informations principales durant l'interprétation d'un message visuel vis-à-vis un observateur humain. En effet, la problématique principale est dans le fait de doter la machine par la puissance de quantifier la texture du tissu biologique pour pouvoir distinguer la pathologie. Chose qui n'est pas évidente pour les médecins qui s'appuient uniquement sur l'analyse de la forme tumorale.

Nous évoquons au long du premier chapitre, les principaux concepts de l'analyse d'image et de la vision par ordinateur. En effet, nous nous concentrons sur le descripteur incontournable de la texture des images en vue de la prise de décision.

## 2 Rapport entre l'analyse d'image et la vision par ordinateur

Les êtres humains ont la particularité de pouvoir acquérir des images, ceci via l'œil, comme une information, qui sera par la suite interprétée via le cerveau. L'enjeu majeur en vision artificielle est de rendre l'ordinateur puissant pour inter agir avec son environnement où des informations en vue d'exploitation, seront récupérées par un dispositif d'acquisition d'image. Dans ce sens, la machine reconnaîtra des formes pour segmenter une image en diverses zones distincts et cohérentes. Notons que cette analyse n'est pas immédiate où un prétraitement sur l'image est nécessaire dans le but de simplifier la tâche de l'ordinateur[8].

Dans ce sens, la vision par ordinateur désigne donc une discipline scientifique avec comme enjeu l'initiative d'automatisation de la vision humaine par un ordinateur.

Nous présentons sur la figure I.1, une schématisation des processus d'analyse d'image et de vision par ordinateur.

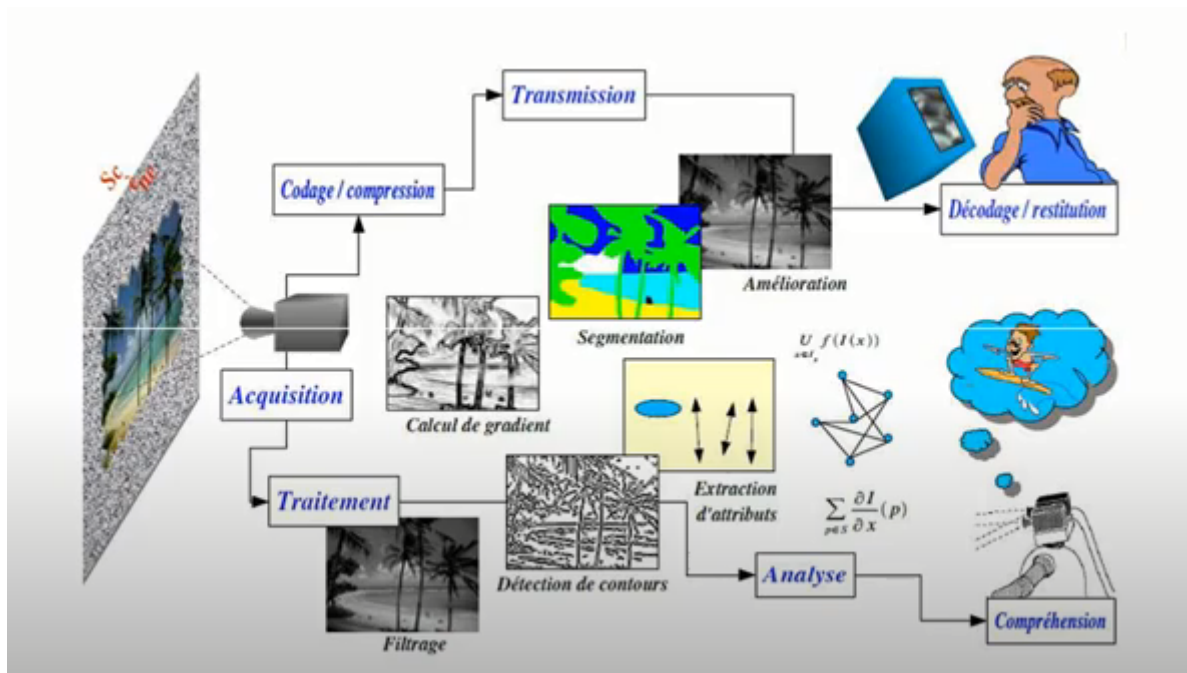


Figure I.1 – Processus d'analyse d'image et de vision par ordinateur.

La vision par ordinateur s'étend aux domaines suivants :

- Reconnaissance de visage.
- Détection d'objets.
- Analyse de l'imagerie médicale constituant l'outil principal de la vision par ordinateur par le développement de systèmes d'aide au diagnostic médical assistés par ordinateur.

### 3 Analyse d'image

Souvent, nous considérons les images comme une suite de pixels, caractérisés par une variante intensité lumineuse. En effet, les images se modélisent par une fonction  $f$  où les valeurs  $f(x, y)$  représentent les coordonnées spatiales.

Une autre considération des images comme un ensemble de motifs de la texture, agencés d'une manière spécifique pour constituer une scène donnée. Ces visions constituent la base de représentation des images ; en mettant en valeur diverses informations conduisant à des approches variées d'analyse des images numériques[9, 10].

Nous distinguons deux niveaux d'analyse d'image comme suit[11] :

### 3.1 Analyse de bas niveau d'image

Les approches de bas niveau dans l'analyse d'image présentent la base du traitement automatique des images, où des connaissances minimales sont nécessaires, concernant le contenu brut des images.

En premier lieu les processus suivants sont appliqués :

- L'échantillonnage en vue de la discrétisation spatiale d'une image en attribuant à chaque région rectangulaire  $R(x, y)$  continue, une valeur  $I(x, y)$  identifiant la résolution spatiale.
- La quantification choisit le nombre de bits optimal pour la codification numérique de l'image. En effet, chaque échantillon prélevé sur le signal se verra attribuer une valeur numérique.

La numérisation par les deux étapes précédentes fera en sorte que les images pourront être visualisées en vue de les stocker ou les traiter ou les transmettre via un réseau informatique.

D'autre part, davantage de traitements réalisés au plus bas niveau d'abstraction d'image pour l'élimination de distorsions et mettre en valeur les caractéristiques pertinentes relatives aux images, citons :

- De-bruitage, suppression de flou et le rehaussement de contraste.
- Localisation et extraction des éléments intéressants.
- Détection de contour et segmentation.

Ces traitements sont essentiels pour les images médicales ayant un faible contraste et portant un taux accru de bruit. En effet, le processus de segmentation par exemple est d'une importance élevée pour extraire les tumeurs de l'arrière-plan des images médicales. Il est utile de mentionner que les caractéristiques qui interviendront durant l'analyse de haut niveau seront extraites. En effet, l'extraction de descripteurs discriminants au sein d'une image segmentée fait partie de l'analyse de bas niveau d'image.

### 3.2 Analyse de haut niveau d'image

Ce traitement concerne la reconnaissance des formes par le processus d'attribution d'une classe spécifique à un objet au biais des connaissances relatives au contenu de l'image. En effet, des approches d'intelligence artificielle sont la base dans les processus de l'analyse et l'interprétation des images.

## 4 Analyse de la texture d'image

### 4.1 Définition de la texture

L'analyse de la texture est un problème clé dans le traitement d'image et la vision par ordinateur pour la reconnaissance d'objets, la recherche d'image par le contenu et spécialement pour la distinction entre les pathologies dans l'imagerie médicale où les textures naturelles demeurent irrégulières et omniprésente dans d'autres domaines comme celui de l'image aérienne.

Bien qu'il n'existe pas une définition universelle de la texture, selon[12], la texture désigne une propriété relative à la surface ou à la structure de l'objet. Les caractéristiques extraites de la texture sont pertinentes pour la reconnaissance et la distinction entre diverses structures.

Dans[13], la texture est considérée telle qu'une région d'une image ayant une organisation spatiale homogène des niveaux de luminance.

### 4.2 Classification des approches de caractérisation de la texture d'image

Nous pouvons diviser les approches de caractérisation de la texture en quatre catégories[13, 14] :

#### Approches statistiques

Elles se focalisent généralement sur la distribution spatiale des niveaux de gris des pixels ainsi que la description statistique de leur arrangement. Par l'utilisation des outils statistiques, nous extrayons des descripteurs texturaux. En effet, les matrices de cooccurrence d'Haralick[15] demeurent les plus discriminantes et puissantes.

### Approches géométriques

Ces approches prennent en considération l'information structurelle ainsi que contextuelle de l'image. Par conséquent, elles sont en particulier adaptées aux textures structurelles ou macroscopiques. En effet, nous réalisons la description de la texture à travers une extraction explicite de diverses primitives qui consistent en un ensemble connexe de pixels partageant des caractéristiques similaires exigeant des règles de placement de primitives, à travers d'attributs géométriques. Il est utile de mentionner que ces attributs géométriques sont sensibles à la régularité des motifs texturés, par conséquent, ils ne sont pas puissants pour la caractérisation des textures irrégulières qui sont omniprésentes dans la plupart des images naturelles.

### Approches basées sur un modèle

Ces méthodes considèrent la texture comme la réalisation d'un processus stochastique stationnaire. Elles se fondent sur la recherche d'un modèle pour décrire ou générer une texture. Les méthodes à base de modèles probabilistes sont largement utilisées, les plus connues sont le modèle autorégressif, le modèle Markovien et le modèle, les champs aléatoires Markoviens gaussiens, les fractales.

### Approches fréquentielles

Ces approches imitent le fait que le système visuel humain effectue une analyse fréquentielle des images. Dans ce sens, les transformées en ondelettes, les filtres de Gabor, la transformée de Fourier sont les plus utilisées. Les approches basées banc de filtre appliquent une banque de filtres à l'image. En effet, chaque filtre met en évidence une texture de fréquence et d'orientation bien spécifiques.

## 5 Problématiques liées à d'analyse de la texture des images

Diverses problématiques d'analyse de la texture existent, citons : la segmentation de la texture, la classification de la texture et la synthèse d'une texture[16].

## 5.1 Segmentation de la texture

Dans le processus de segmentation de la texture, l'ultime but désigne la division d'une image à des régions cohérentes. Nous distinguons la segmentation supervisée ainsi que non supervisée. En effet, dans la segmentation supervisée de la texture, le système sera doté de divers modèles de textures pour qu'ils soient rencontrés et reconnus dans les nouveaux cas d'images à segmenter. D'autre part, la segmentation non-supervisée de la texture partitionne une image en plusieurs parties de textures similaires et ceci sans disposer d'information a priori, quant aux textures disponibles dans l'image.

## 5.2 Classification de la texture

Dans le processus de classification de la texture, l'ultime but désigne l'assignement d'un ensemble inconnu de textures à l'une des classes qui sont prédéfinies préalablement. Cette attribution de classes se base sur des règles dérivées par l'analyse automatique d'un ensemble d'apprentissage disposant de multitude d'éléments de texture avec des étiquettes de classes connues[17].

## 5.3 Synthèse de la texture

Le processus de la synthèse de texture consiste à synthétiser divers échantillons de textures ayant une grande similarité en ce qui concerne l'aspect perceptuel.

# 6 Conclusion

La texture est un descripteur incontournable dans le domaine de traitement d'images spécialement, en reconnaissance de formes où elle a fait l'objet d'une large application selon des processus de segmentation et de classification d'images. Par conséquent, une précision élevée est en fonction de la capacité des descripteurs à discriminer les images par rapport aux classes disponibles.

Dans ce travail, nous allons utiliser une caractérisation discriminante de la texture des tumeurs pour leur classification des tumeurs mammaires en tumeur maligne ou bénigne. Nous allons évoquer dans le chapitre suivant ; les lois puissance de type : Zipf et Zipf inverse ; qui désigneront l'approche contribué pour la caractérisation des tumeurs mammaires.

## Chapitre II

Caractérisation de la texture des images par  
les lois de Zipf et de Zipf inverse

## 1 Introduction

Les lois puissance comme Zipf et Zipf inverse ont été contribuées dans la modélisation de phénomènes extrêmement divers. En effet, ces lois établissent respectivement, une relation entre les fréquences d'apparition des différentes occurrences et le rang de ces occurrences et ceci dans une suite ordonnée, d'autre part, une relation entre les fréquences d'apparitions des attributs et le nombre d'attributs ayant la même fréquence d'apparition.

Nous nous intéressons à la modélisation des images médicales par les lois puissance, à savoir, la loi de Zipf et de Zipf inverse, dans ce sens, nous allons évoquer le processus à suivre.

## 2 Modèles de loi de puissance

### 2.1 Définition d'une loi puissance

Les lois puissance comme la loi de Pareto ou bien les lois de Zipf et de Zipf inverse ont été contribué dans la modélisation de différents phénomènes étant réels et distincts. En effet, des distributions selon des lois puissance ont été constaté dans divers domaines scientifiques, citons : la biologie, la physique, la psychologie, l'économie, la sociologie, la linguistique.

Nous définissons une loi puissance comme une fonction reliant deux quantités tout en prenant la forme  $y = ax^{-b}$ , ici,  $a$  et  $b$  désignent des constantes. Nous représentons ces lois graphiquement dans un repère  $(x, y)$  comme mentionné sur la figure II.1 :

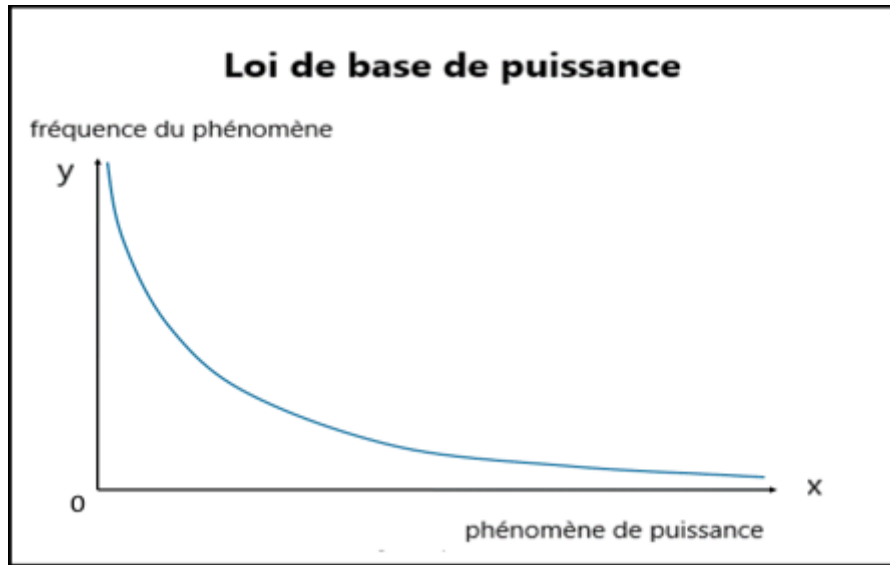


Figure II.1 – Représentation d'une loi puissance dans un repère linéaire.

## 2.2 Loi de Zipf

La loi de Zipf consiste en une loi empirique énoncée dans l'année 1949[18], modélisant la répartition statistique relative aux fréquences d'apparition des individus au sein d'un ensemble.

Selon le linguiste américain Zipf, les n-uplets de symboles organisés topologiquement ne se distribuent pas aléatoirement. Effectivement, si nous classons les n-uplets de symboles selon un ordre décroissant relatif à leurs fréquences d'apparition, nous aurons la suite  $(N(1), N(2) \dots N(n))$  des fréquences d'apparition distribuée selon une loi puissance. La fréquence d'un n-uplet de rang  $i$  obéit à la formule[19] :

$$N_{\sigma(i)} = K \cdot i^{-\alpha} \quad (\text{II.1})$$

Où  $k$  et  $\alpha$  sont des constantes. Notons que cette loi puissance est caractérisée par la valeur relative à la puissance.

Cette loi peut être représentée graphiquement dans une courbe à échelle bi-logarithmique. Dans ce tracé graphique, la pente de régression des moindres carrés de la distribution permet une estimation de l'exposant de la loi de puissance. L'enjeu majeur du modèle de loi Zipf repose principalement sur la codification des n-uplets de symboles.

### 2.3 Loi de Zipf inverse

La loi de Zipf inverse désigne une loi empirique modélisant les fréquences d'apparition des n-uplets d'un ensemble. En effet, nous nous focalisons sur les nombres de n-uplets ayant la même fréquence d'apparition. Il est utile de mentionner que ces n-uplets sont extraits avec le même processus suivi par la loi de Zipf.

Selon la loi de Zipf inverse, le nombre  $I$  de n-uplets portant une même fréquence d'apparition  $f$  se représente comme suit[19] :

$$I(f) = A.f^{-\gamma} \quad (\text{II.2})$$

Dans cette formule,  $A$  et  $\gamma$  sont des constantes positives.

## 3 Application des lois puissance en analyse d'images

L'image désigne une représentation discrète dans un espace bidimensionnel. Les modèles de lois puissance étaient conçus spécialement pour l'analyse de texte et ont été par la suite adapté au domaine de l'analyse d'image. Ceci en modélisant la fréquence d'apparition des motifs dans une image en fonction des distributions de loi puissance ; par conséquent, ces modèles de loi de puissance caractérisent la complexité structurelle des textures dans les images.

La modélisation des images selon ces lois puissance génère les courbes de Zipf et de Zipf inverse, cependant, ces courbes ne donnent pas de mesures de la texture. En effet, ces mesures de la texture seront quantifiées par le calcul de valeurs numériques à partir des courbes de Zipf et de Zipf inverse. Dans ce sens, une modélisation de la distribution spatiale des niveaux de gris dans l'image sera obtenue[20].

### 3.1 Analyse d'image par la loi de Zipf

Le principe d'analyse d'une image par la loi de Zipf[21] consiste à parcourir l'image avec un masque de dimension  $m * m$  où tous les motifs rencontrés subiront un codage appliqué aux pixels relatives à l'image.

Par la suite, nous classons ces motifs selon l'ordre des fréquences décroissantes tout en attribuant le rang de chaque fréquence.

La dernière étape consiste à tracer la courbe rang fréquence dans un repère bi-logarithmique. Nous modélisons cette relation au moyen de la formule suivante[21] :

$$N\sigma(i) = K.i^{-a} \quad (\text{II.3})$$

Dans la formule (II.3),  $N\sigma(i)$  représente la fréquence d'apparitions d'un motif de rang  $i$ , tandis que  $k$  et  $a$  présentent des constantes.

### 3.2 Analyse des images par la loi de Zipf inverse

Le principe d'analyse d'une image par la loi de Zipf inverse est le même que celui de la loi de Zipf avec une seule différence que la loi de Zipf inverse s'intéresse aux motifs distincts ayant la même fréquence d'apparition.

D'après la loi de Zipf inverse, le nombre  $I$  des motifs différents ayant une fréquence d'apparition  $f$  est donné par la formule suivante[26] :

$$I(f) = a.f^{-\gamma} \quad (\text{II.4})$$

Dans la formule (II.4),  $a$  et  $\gamma$  sont des constantes.

### 3.3 Codage de l'image

Si nous effectuons une extension de l'application des lois de Zipf et Zipf inverse du texte vers l'image, évidemment, une adaptation doit être réalisée[21]. Notons que les symboles considérés en analyse d'image consistent en les niveaux de gris encodant les pixels. Dans ce sens, les n-uplets consisteront en une suite de niveaux de gris formant des masques, susceptibles d'avoir diverses formes : des masques carrés 3 x 3, des masques linéaires verticaux 3 x 1, 8 x 1 ou bien horizontaux, 1 x 3, 1 x 8.

Il est utile de mentionner que la décision des formes du masque est en fonction du type de motif en cours de recherche, ceci, si nous considérons un motif linéaire ou un motif surfacique.

Nous pouvons utiliser davantage de dimensions pour les motifs, néanmoins, si la taille était plus grande ceci conduirait au fait que les motifs d'images n'auraient qu'une minime probabi-

lité de réapparaître fréquemment dans l'image. Evidemment, la distribution des fréquences des motifs au sein de l'image n'aurait pas une signification.

Une autre phase primordiale pour l'analyse des images basée modèles de lois puissance est l'application d'un codage aux motifs de l'image dans le but de réduire le nombre des motifs distincts tout en augmentant la probabilité qu'un motif soit d'apparition fréquente dans l'image à analyser. Nous distinguons les codages d'image suivants :

Codage des 9 classes

Ce codage vise la réduction du nombre de motifs distincts par la division équitable de l'échelle des niveaux de gris [0,255] en 9 intervalles, ou classes.

Nous numérotons ces intervalles en ordre croissant de 0 à 8 comme mentionné sur le tableau II.1 [21] :

0-27	28-55	56-83	84-111	112-139	140-167	168-195	196-223	224-255
0	1	2	3	4	5	6	7	8

Table II.1 – Partitionnement des niveaux de gris en 9 classes.

Le processus du codage de l'image est comme suit : chaque pixel du motif, aura une codification qui consiste en une valeur de classe  $c(x, y)$  obtenue de la valeur  $g(x, y)$  de son niveau de gris en se basant sur la formule suivante :

$$c(x, y) = \text{int} \left[ \frac{N * g(x, y)}{255} \right] \quad (\text{II.5})$$

Un exemple de ce codage des 9 classes est fourni sur la figure II.2, où nous exposons un motif avant et après l'avoir encodé.

255	210	210
25	2	34
40	2	40

8	7	7
0	0	1
1	0	1

Figure II.2 – Motif original d’une image en (a) et son encodage par la méthode des neuf classes en (b).

Même si le codage des 9 classes permet de mettre en évidence les principales structures de l’image, néanmoins, Il n’a pas la puissance d’analyser la texturation fine de l’image. En effet, il fait perdre l’information sur les faibles variations de luminance, engendrant le fait qu’il uniformise les textures de l’image.

#### Codage des rangs généraux

Le codage par rang généraux désigne un codage puissant d’analyse de la texturation fine de l’image[20, 21].

Le processus du codage des rangs généraux désigne le remplacement des niveaux de gris des pixels par leur rang dans un voisinage considéré. A cet égard, nous devons ordonner les niveaux de gris des pixels du motif suivant un ordre croissant tout en affectant la valeur 0 au niveau de gris le plus bas, par la suite, nous incrémentons la valeur d’une unité jusqu’à l’atteinte du niveau de gris maximal.

Mentionnons que si deux pixels auront la même valeur de niveau de gris, alors, ils recevront le même rang. Nous exposons sur la figure II.3 un exemple d’un motif avant et après son encodage par le codage des rangs généraux.

255	210	210
25	2	34
40	2	40

5	4	4
1	0	2
3	0	3

Figure II.3 – Motif original d’une image en (a) et son encodage par la méthode des rangs généraux en (b).

Le codage des rangs généraux est plus fidèle au motif d’origine, en effet, nous ne distinguons pas d’altération du contenu de l’image par l’aspect d’un contenu artificiel que pourra avoir l’image. Ceci dit, ce codage demeure un peu complexe que le précédent et nécessite une combinatoire plus lourde.

### 3.4 Représentation graphique de la modélisation des images par les lois de Zipf et de Zipf inverse

#### Construction de la courbe de Zipf

Nous distinguons les étapes suivantes de l’algorithme relatif à la construction de la courbe de Zipf d’une image[21] :

1. La réalisation d’un balayage séquentiel de l’image sur la base d’un masque de capture de dimension 3 x 3.
2. L’application d’une codification aux motifs selon le choix d’un codage adéquat aux propriétés que nous souhaitons explorer dans l’image analysée.
3. Compter le nombre d’occurrences relatif aux motifs distincts dans l’image. A cet égard, chaque motif de l’image est rangé dans un tableau et comparé aux motifs déjà existant dedans, dans le cas où il est déjà présent, l’incrémenter de sa propre fréquence d’apparition est effectuée, autrement, nous l’indexerons au sein tableau tout en fixant à 1 sa fréquence d’apparition.
4. Une fois l’image fut entièrement balayée, nous tirons dans un ordre décroissant les fréquences d’apparition des motifs.

5. Nous traçons la fréquence relative à chaque motif en fonction de son rang dans un repère bi-logarithmique, évidemment, l'abscisse désigne le rang R des motifs et l'ordonnée leur fréquence d'apparition pour aboutir à la courbe de Zipf.

Nous exposons sur la figure II.4, la courbe de Zipf d'une image.

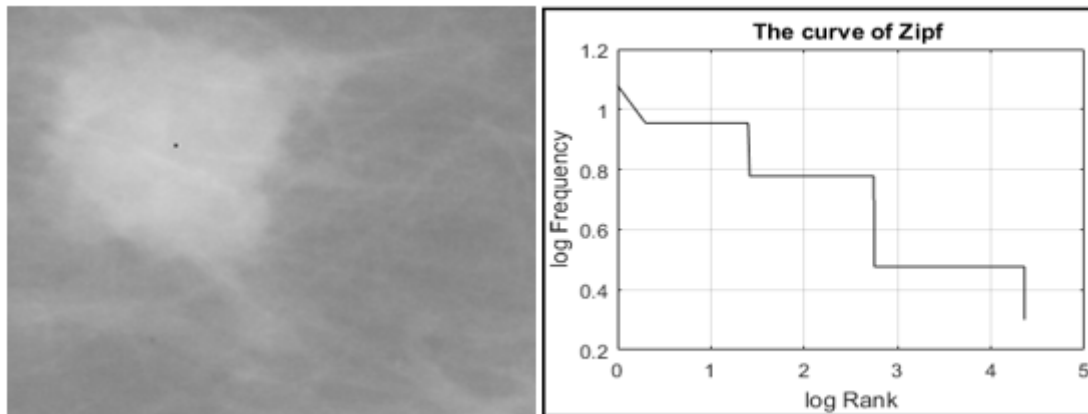


Figure II.4 – Courbe de Zipf d'une tumeur maligne.

Construction de la courbe de Zipf inverse

Nous distinguons les étapes suivantes de l'algorithme relatif à la construction de la courbe de Zipf inverse[21] :

1. La première phase est similaire à celle de la loi de Zipf dans le fait que nous balayons séquentiellement l'intégralité de l'image par un masque de taille 3 x 3 où les motifs seront encodés par un codage adéquat aux propriétés de l'image avec l'ultime but de dénombrer les motifs rencontrés.
2. Nous comptons les motifs portant une fréquence d'apparition identique à la fréquence courante. En effet, l'initialisons de la fréquence en cours de recherche est fixée à 1 et nous parcourons séquentiellement le tableau des motifs pour compter ceux ayant la même fréquence courante.
3. Une réitération de l'algorithme est effectuée tout en incrémentant la fréquence cherchée d'une unité jusqu'au point où de la fréquence maximale est atteinte.
4. Nous traçons le nombre de motif en fonction des fréquences d'apparition relatives et ceci dans un repère bi-logarithmique pour aboutir à la courbe de Zipf inverse.

Nous présentons sur la figure II.5, la courbe de Zipf inverse d'une image.

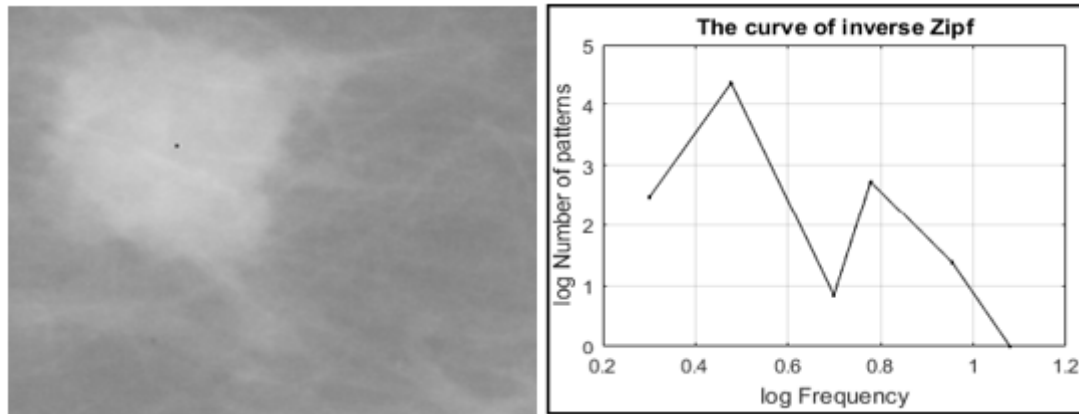


Figure II.5 – Courbe de Zipf inverse d'une tumeur maligne.

## 4 Conclusion

Nous pouvons affirmer que des distributions statistiques suivant les lois puissance : Zipf et Zipf inverse ont été mises en évidence de manière empirique dans différents domaines où nous nous intéressons à celui de l'analyse d'image et la vision par ordinateur. En effet, ces lois ont le potentiel de caractérisation de la complexité structurelle d'une image. Ceci par la modélisation de la répartition statistique des fréquences d'apparition des motifs d'images selon des distributions en lois puissance. Dans ce sens, une nouvelle approche d'analyse de la texture de l'image sera évoquée dans ce travail.

Le prochain chapitre sera dédié à l'aide au diagnostic médical de cancer du sein assisté par ordinateur où les paradigmes d'apprentissage automatique et d'apprentissage profond font une révolution. En effet, nous nous intéressons au pronostic automatique de cancer du sein où nous évoquerons un état de l'art sur ce fructueux domaine de santé numérique pour en tirer la problématique de ce mémoire.

## Chapitre III

Apprentissage automatique et l'apprentissage  
profond en action : état de l'art sur le  
pronostic automatique du cancer du sein

## 1 Introduction

La disponibilité et l'intégration des études d'images antérieures avec les études actuelles est une composante essentielle de la pratique des radiologues. Dans la pratique clinique, les radiologues comparent toujours l'examen des années précédentes avec l'examen de l'année en cours pour observer les changements tissulaires durant le diagnostic du cancer. En effet, les études peuvent intégrer davantage les connaissances antérieures connexes sous la forme d'informations cliniques sur les patients pour améliorer la précision du diagnostic. Dans ce sens, des approches d'apprentissage automatique ainsi que d'apprentissage en profondeur ont opté au développement de modèle améliorant le diagnostic et conçus à partir de ces énormes flux de données.

Dernièrement, ce domaine est devenu le domaine de recherche le plus en action en imagerie médicale par la conception et l'implémentation des système CAD d'aide au diagnostic médical basés apprentissage automatique ou apprentissage profond, où l'ultime but est d'offrir un deuxième avis aux radiologues durant le diagnostic.

La puissance des systèmes CAD dépend de leur habilité dans la discrimination et la généralisation au long du processus relative à la classification de nouvelles structures tout en minimisant les efforts des médecins et augmentant le taux de survie.

## 2 Cancer du sein

Le cancer du sein survient par la multiplication incontrôlée de cellules mammaires anormales qui forment une tumeur dans la région du sein, c'est l'une des maladies les plus menaçantes chez les femmes dans le monde en raison de son processus de traitement douloureux qui fournit une guérison temporaire mais devient mortelle dans la plupart des cas[22]. En effet, il est diagnostiqué chez 2,1 millions de femmes par an dans le monde et représente également environ 15% de tous les décès par cancer chez les femmes. L'organisation de la santé mondiale a rapporté qu'environ 508 000 cas de mort chez les femmes sont reliées au cancer du sein[23]. Un diagnostic précoce du cancer du sein est nécessaire pour augmenter les chances de survie en offrant un accès rapide aux services de traitement médical.

Les cancers du sein sont classés selon leur localisation et leur sous-type histologique (tissulaire ou cellulaire). Les cancers primaires du sein sont des cancers canaux infiltrants qui constituent environ 80% de tous les cas, suivis des cancers du lobulaire et du mamelon. Afin de prévenir le cancer du sein chez les femmes à haut risque, les stratégies disponibles sont très limitées. Néanmoins, il existe des moyens de prévention de ce cancer en maintenant une alimentation appropriée, en restant en forme et en maintenant un poids corporel approprié.

Nous évoquons quelques facteurs de risque de cancer du sein comme suit[24] :

- Âge : les femmes de 45 à 55 ans sont généralement considérées comme à risque, car le cancer du sein est plus fréquent dans ce groupe d'âge.
- Antécédents familiaux : si une femme a un parent proche (au premier degré) atteint d'un cancer du sein, cela augmente son risque.
- Gènes : Certains gènes tels que BRCA1 et BRCA2, s'ils sont présents, augmentent considérablement le risque de cancer du sein.
- Mode de vie : L'obésité, la diminution de l'activité physique, le tabagisme, la consommation élevée d'alcool, l'utilisation de contraceptifs oraux sont quelques-uns des problèmes de routine de vie qui peuvent éventuellement conduire au cancer du sein.

## 2.1 Types de cancer du sein

Les différentes stratégies de catégorisation de cancer du sein sont mentionnées comme suit[24] :

1. Invasif vs in-situ : les vrais cancers sont appelés « invasifs » ou infiltrants parce qu'ils ont envahi les vaisseaux sanguins et les vaisseaux lymphatiques, et ils ont la capacité de se diffuser. Le cancer du sein invasif, notamment carcinome lobulaire invasif et le carcinome canalaire invasif peuvent se développer dans le tissu mammaire environnant. Ils peuvent être n'importe où des stades I à IV. Les pré-cancers sont localisés et n'ont pas la capacité de se propager, d'où leur nom « in situ ». Contrairement aux cancers invasifs, les cancers in-situ sont également appelés intra-canaux (Carcinome canalaire in situ). Ceci est également appelé stade zéro.
2. Sous-types histologiques : Le sous-type histologique fait référence à la cellule d'origine du cancer. Les deux principaux sous-types histologiques de cancer du sein sont canaux et lobulaires. À propos 80 à 85% des cancers du sein proviennent des canaux, et environ

10 à 15% des lobules du sein.

Dans les cancers canaux, les cellules se rejoignent pour former une touffe.

3. Sous-types moléculaires : cette classification est basée sur les récepteurs que les cellules cancéreuses expriment, telles que ER (récepteur des œstrogènes), PR (récepteur de progestérone) et her2 (tyrosine kinase).
4. Grade : Il est utilisé pour déterminer à quoi ressemblent ces cellules cancéreuses sous le microscope selon leurs degrés de différenciation.
5. Stade : Il est utilisé pour décrire le comportement du cancer. Le stade d'un cancer est basé sur diverses caractéristiques comme la taille de la tumeur, l'état des ganglions lymphatiques et les métastases à distance qui aident en outre à comprendre la propagation du cancer.

## 2.2 Mammographie de dépistage de cancer du sein

La détection précoce de cancer du sein est très importante pour éviter les décès dus à cette maladie. Dans ce sens, des tests de dépistage sont nécessaires pour découvrir le cancer avant que les symptômes n'apparaissent[24]. Le projet de détection de cancer du sein a débuté en 1973 et il a été démontré que cet examen clinique des seins avec le dépistage améliore le diagnostic précoce du cancer[22].

Il est possible de traiter un cancer du sein avec succès lorsqu'il est découvert tôt et toujours confiné au sein. Les tests de dépistage doivent être sûrs, peu coûteux et présentant de faibles risques. Il existe différentes méthodes pour effectuer le dépistage de cancer du sein. Le plus simple de tous est l'auto-examen ou l'examen clinique des seins. Une telle inspection donne certaines informations clés, telles que la symétrie, les changements dans la couleur ou la texture de la peau, présence d'une bosse et mamelon soudain retractionné ou inversé.

Nous distinguons diverses techniques d'imagerie dédiées au dépistage de cancer du sein. Citons : la mammographie, l'échographie et l'IRM mammaire. La mammographie demeure la pierre angulaire du dépistage de cancer du sein dans la population et peut en détecter les lésions in situ ainsi que de restreint cancers invasifs, que les autres approches de dépistage comme l'IRM et l'échographie[25]. En effet, la mammographie est une procédure permettant de visualiser la structure interne du sein. Il est utile de mentionner que la société américaine du cancer

recommande une mammographie une fois par an pour toutes les femmes de plus de 40 ans[25].

Lorsqu'une mammographie soulève une suspicion significative de tumeur ou de cancer, le tissu appartenant à la zone détectée est prélevé pour une biopsie, et est examiné de près. Les mammographies sont de deux types[24] : dépistage et diagnostic. Chez les femmes qui ne présentent aucun symptôme ou signe, une « mammographie de dépistage » est utilisée pour détecter les changements dans les caractéristiques morphologiques du sein. Ce test implique l'utilisation d'une faible intensité de radiographie afin d'obtenir l'imagerie de chaque sein. Effectuant ce dépistage, il est possible de détecter une tumeur avant l'apparition de tout symptôme.

Dans le cas où des changements mammaires inhabituels sont observés sur une mammographie de dépistage, une « mammographie diagnostique » peut être utilisée dans le but de détecter les anomalies comme une masse palpable, des douleurs mammaires, des plaies qui semblent érosives, un épaissement du sein, de la peau ou un changement soudain de la forme des seins. Une mammographie diagnostique peut être considérée comme un outil médical de base et constitue une bonne méthode pour examiner les changements dans les seins. Cependant, il est généralement conseillé aux femmes âgées de plus de 30 ans de subir une mammographie diagnostique[24]. Parfois, cette méthode d'imagerie est également utilisée pour examiner les femmes qui ont des antécédents de cancer du sein.

Notons qu'une lésion anormale telle que des microcalcifications est le signe principal du cancer du sein indiquant clairement la mort cellulaire localisée dans cette région[23].

Dans l'analyse de la mammographie, un radiologue recherche la présence de masse (une tumeur) et de minuscules dépôts de calcium appelées microcalcifications qui apparaissent comme de petites taches blanches comme indiqué sur la figure III.1. Notons qu'une lésion anormale telle que des microcalcifications est le signe principal du cancer du sein indiquant clairement la mort cellulaire localisée dans cette région[23, 1].

### 2.3 Limites de la mammographie

Malgré les avantages que présentent la mammographie pour le dépistage de cancer du sein, néanmoins, elle est fortement associée à un risque élevé de faux positifs ainsi que de faux négatifs. En effet, La sensibilité du dépistage via mammographie varie de 83 à 95%. Cela implique

qu'environ 17% des cas de cancer du sein peuvent ne pas être détectés par mammographie. La spécificité des mammographies réside entre 90 et 98% [24].

Les chances d'apparition d'un faux positif dans une mammographie sont environ une sur dix. Une mammographie faussement négative peut sembler normale, même si elle peut contenir les cellules cancéreuses sous-jacentes. La mammographie de dépistage peut manquer une tumeur sur six.

De plus, la mammographie étant essentiellement un test aux rayons X, elle expose le corps humain aux radiations. Pendant la grossesse, l'exposition aux radiations peut entraîner des anomalies congénitales.

Un autre facteur pouvant diminuer l'efficacité du dépistage par la mammographie est la densité des seins. En effet, les seins sont constitués de tissus fibreux qui apparaissent en blanc sur une mammographie et les tissus adipeux sont noirs. Donc, ce serait difficile de détecter un cancer blanc caché dans un fond blanc, en cas de tissus mammaires denses, en raison du manque de contraste entre eux. Cela conduit à des nombres élevés de faux négatifs.

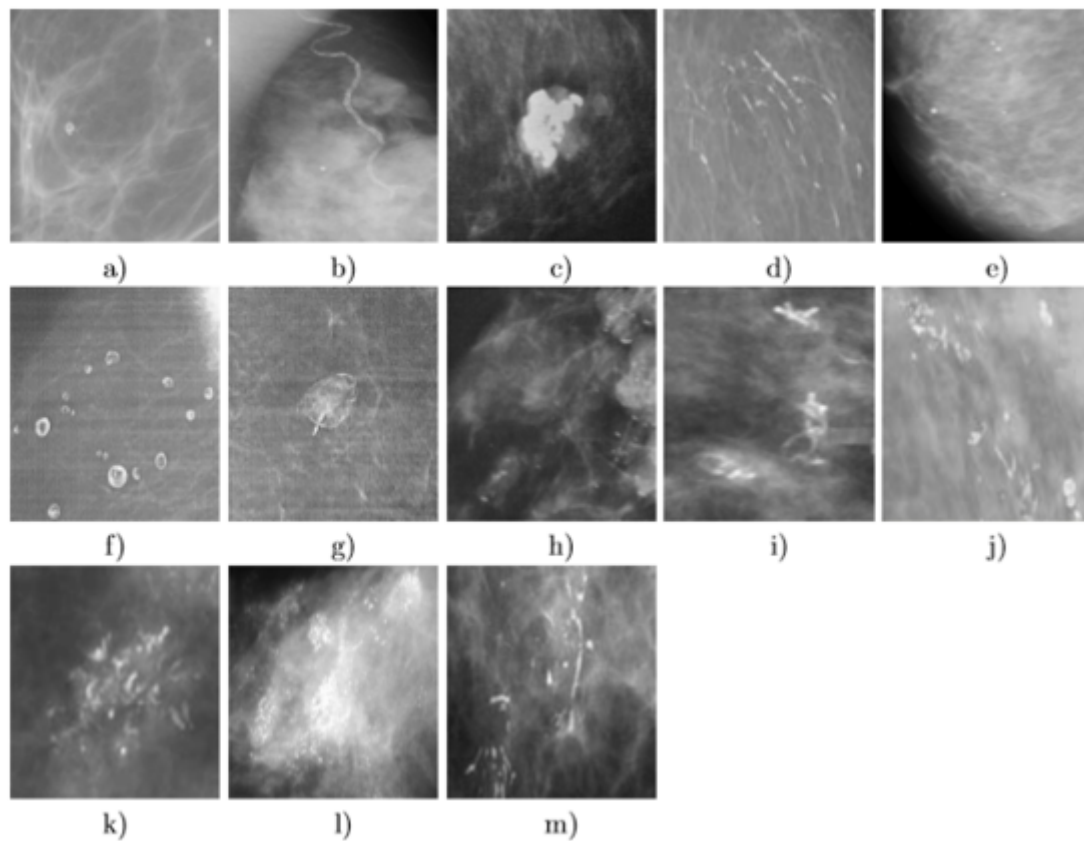


Figure III.1 – Différents types de microcalcification présentes dans les mammographies. En a : Microcalcifications cutanées ou dermiques, en b : Microcalcifications vasculaires, en c : Microcalcifications grossières ou coralliformes, en d : Microcalcifications en bâtonnets, en e : Microcalcifications rondes, en f : Microcalcifications à centres clairs, en g : Microcalcifications en coquille duf ou pariétales, en h : Microcalcifications à type de lait calcique, en i : Microcalcifications de suture, en j : Microcalcifications dystrophiques, en k : Microcalcifications amorphes ou indistinctes, en l : Microcalcifications nes et polymorphes et en m : Microcalcifications linéaires et ramiées. Source [26]

### 3 Diagnostic assisté par ordinateur (CAD) des tumeurs dans la mammographie

Le concept et la mise en œuvre des systèmes de CAD en mammographie remontent à plusieurs décennies. En fait, les premiers systèmes CAD étaient approuvés par la Food and Drug Administration (FDA) des États-Unis [6]. Ces outils ont généralement été construits en concevant des représentations numériques et statistiques des anomalies mammaires courantes telles que les microcalcifications, les spéculations et les masses qui ont ensuite été ajustées à la main à l'instrumentation mammographique spécifique. Les premiers essais se sont révélés prometteurs

pour les systèmes CAD, en particulier dans le paradigme de double lecture.

Le développement des systèmes CAD d'aide au diagnostic médical est basé sur les méthodes d'apprentissage automatique ainsi que d'apprentissage profond. En effet, les approches d'analyse d'image seront implémentées pour la reconnaissance de la maladie et la distinction des différentes classes des structures situées dans les images, citons l'exemple d'une tumeur maligne ou bénigne, ceci, en extrayant des descripteurs permettant de distinguer les structures en les représentant par des valeurs numériques.

Divers systèmes CAD commercialisés ont été conçus pour le diagnostic de cancer du sein via la mammographie et furent cliniquement conformes : AccuDetect Parascript software for mammography [27] et R2 ImageChecker or CAD Second Look [28].

Il a été démontré [24] que sans l'intervention des CAD, la sensibilité de la détection du cancer est d'environ 80%. Tandis qu'en utilisant les CAD, cette sensibilité peut être portée à 90 %.

Nous présentons sur la figure III.2, un système CAD complet élaborant la segmentation, la localisation ainsi que la classification des tumeurs mammaires :

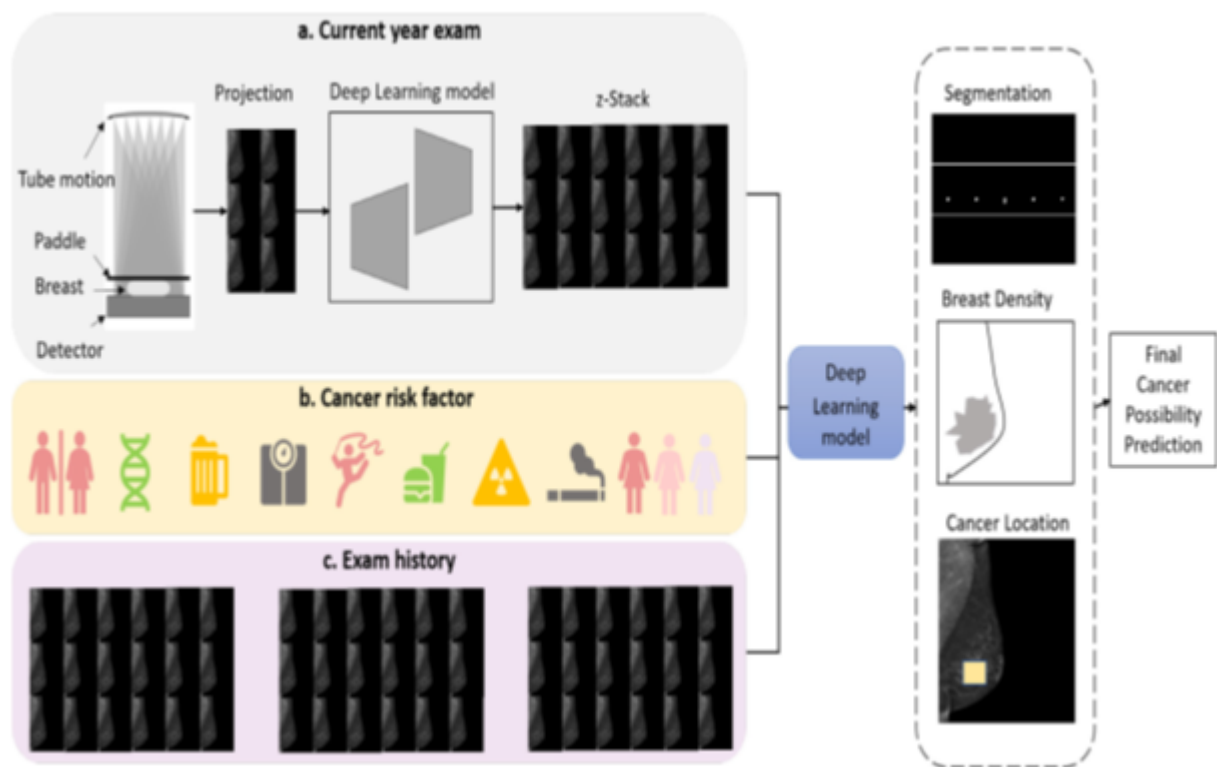


Figure III.2 – Système CAD complet élaborant la segmentation, la localisation ainsi que la classification des tumeurs mammaires. Source [6]

### 3.1 Détection des tumeurs assistée par ordinateur (CADE)

La phase de détection des tumeurs, assistée par ordinateur (CADE) consiste en l'étape initiale durant le diagnostic de cancer du sein. En effet, l'enjeu majeur désigne la détection des lésions suspectes au-dedans du tissu parenchyme mammaire en se basant sur le calcul de descripteurs mathématiques spécifiques.

Durant le processus de l'extraction des régions d'intérêt (ROI : region of interest), des algorithmes d'analyse des pixels sont appliqués. Effectivement, les pixels constituant le tissu pathologique présentent des descripteurs différents en les comparant aux restes des pixels constituant le tissu sein sans la présence d'anomalie.

Il est utile de mentionner que les descripteurs calculés pour l'extraction des tumeurs désignent des valeurs de gris ou des mesures que nous calculons sur le tissu.

### 3.2 Diagnostic des tumeurs assisté par ordinateur (CADx)

Les systèmes de diagnostic assisté par ordinateur (CADx) réalisent l'extraction de descripteurs discriminants sur les régions suspectes segmentées. Les descripteurs extraits sont ensuite utilisés comme variables prédictives d'entrée à un classifieur, et un modèle prédictif est formé en ajustant les poids des différents descripteurs se basant sur les propriétés statistiques d'un ensemble d'apprentissage pour estimer la probabilité qu'une zone d'intérêt appartienne à l'une des classes.

## 4 Paradigmes de l'apprentissage automatique

### 4.1 Que désignons-nous par l'apprentissage automatique et quel est son rôle dans le domaine médical ?

L'apprentissage automatique (Machine Learning) est un domaine de recherche appartenant à l'intelligence artificielle [2]. En effet, l'enjeu majeure consiste en la dotation des machines de l'anthropomorphe capacité d'apprendre, de raisonner et de prendre ses propres décisions.

Le résultat de la phase d'apprentissage consiste en un ensemble de paramètres optimisés : le modèle, qui seront par la suite utilisés pour effectuer la prédiction. Le réglage des hyperparamètres est une étape essentielle dans toutes les applications de ML pour assurer la généralisabilité du modèle produit ; c'est-à-dire que le modèle fonctionne bien sur les instances de données non utilisées dans la phase d'apprentissage. Le rôle de la phase de test est d'évaluer cet aspect. En utilisant des instances de données jamais traitées auparavant.

Durant ces dernières années, nous avons distingué une augmentation et accélération remarquables du nombre d'approches proposées dans la littérature et centrés sur l'application de l'intelligence artificielle, plus précisément l'apprentissage automatique dans la santé numérique [3, 29]. En effet, l'augmentation d'intérêt pour incorporer l'intelligence artificielle et l'apprentissage automatique dans les pronostics médicaux fut influencée par l'impact que peut générer les technologies numériques apparues.

L'augmentation des cas diagnostiqués dans les hôpitaux rend difficile aux radiologues d'aboutir à une analyse pertinente des flux des données médicales. A cet égard, l'apprentissage auto-

matique devient en action pour palier à ces inconvénients par la contribution de techniques de calcul puissantes. Des approches automatiques fiables ont été implémentées et dédiées aux médecins dans la tâche d'analyse d'images durant l'élaboration du diagnostic de la maladie tout au long de la phase de la prescription du traitement aux patients.

Le diagnostic assisté par ordinateur est reconnu comme un axe de recherche prometteur en imagerie médicale [3]. En effet, une fois fusionné avec les puissantes technologies de l'intelligence artificielle et de l'apprentissage automatique, l'étude et l'analyse approfondies de la grande quantité de données disponibles auront l'opportunité de dévoiler de potentiels schémas dans le futur ainsi que des facteurs de risque dans le but d'améliorer le diagnostic, effectuer des interventions dans des stades précoces et prescrire des traitements adéquats.

En dépit des points forts qu'offre l'apprentissage automatique à la santé numérique, de nombreux défis à surmonter se tirent pour gérer ce potentiel pleinement. Citons la disponibilité de grand flux de données médicales et de bonne qualité, sur laquelle dépend la puissance des approches de l'apprentissage automatique. En effet, un nombre restreint de données relatives aux patients cible introduira des failles dans le processus de l'apprentissage automatique, conduisant à des scénarios probablement coûteux d'erreurs ainsi que d'overfitting.

## 4.2 Différents types d'apprentissage automatique

Nous distinguons deux types d'apprentissage automatique [31] :

### Apprentissage supervisé

Ce type d'apprentissage commence en général par un ensemble de données avec une compréhension du principe dont ces données furent classées. En effet, l'apprentissage supervisé vise à générer des modèles à partir de ces données pouvant être appliqués durant un processus d'analyse. Notons que ces données sont étiquetées par des attributs identifiants les données, et durant le processus d'apprentissage, une correspondance entre les données modélisées et les détails des étiquettes sera établie. Il est utile de mentionner que lorsque l'étiquette est continue, donc nous distinguons une régression ; tandis que dans le cas où les données proviennent à partir d'un ensemble fini de valeurs, nous distinguons un processus de classification. La régression appliquée durant l'apprentissage supervisé contribue dans la compréhension de la corrélation entre

les variables.

#### Apprentissage non supervisé

Ce type d'apprentissage est plus adéquat lorsque le problème nécessite obligatoirement une quantité massive de données sans le fait que ces données soient étiquetées. Citons l'exemple des applications multimédias des réseaux sociaux, telles que Twitter, Snapchat, Instagram...etc. En effet, nous distinguons dans ce cas une immense quantité de données non étiquetées et en vue de l'analyse de la signification de ces données, des algorithmes comprenant le sens et ayant la capacité de la classification des données en fonction des modèles ou des clusters qu'ils distinguent, seront nécessaires.

### 4.3 Algorithmes de l'apprentissage automatique

Nous allons exposer quelques algorithmes d'apprentissage automatique :

#### Machines à vecteurs de support

Les machines à vecteurs de support (SVM : Support Vector Machine) [30] furent implémentées par Vapnik comme un modèle d'apprentissage automatique se basant sur un noyau durant les tâches de classification ou bien de régression. La puissante capacité de généralisation des SVM, tout en considérant sa solution optimale ainsi que sa discrimination pertinente, a fait que des domaines d'actualité comme le data mining, la reconnaissance des formes ou l'apprentissage automatique au cours des dernières années se voient tentées de l'utilisation de ce puissant algorithme. En effet, les SVM ont été utilisés pour la résolution des tâches de classification binaires et grâce à leur excellente fondation théorique et puissante capacité de généralisation, les SVM demeurent une des approches de classification le plus souvent utilisée.

La détermination des fonctions de décision se fait à partir de l'ensemble d'apprentissage dans les SVM avec le fait que la séparation établie (marge) à travers les bordures de décision soit maximisée au sein d'un espace appelé espace de descripteurs étant à grande dimension. Ce plan de classification a tendance à minimiser les erreurs de classification sur les données d'apprentissage tout en obtenant une capacité de généralisation optimale. Une contrainte majeure que nous devons mentionner est que les compétences de classification des SVM diffèrent notablement, dans le cas où les données d'entrée soient en un petit nombre.

Les SVM génèrent un sous-ensemble de vecteurs de support durant la phase d'apprentissage, désignant une partie de l'ensemble total des données pour un éventuel processus de classification. La modélisation du concept principal des machines à vecteur de support est mentionnée sur la figure III.3.

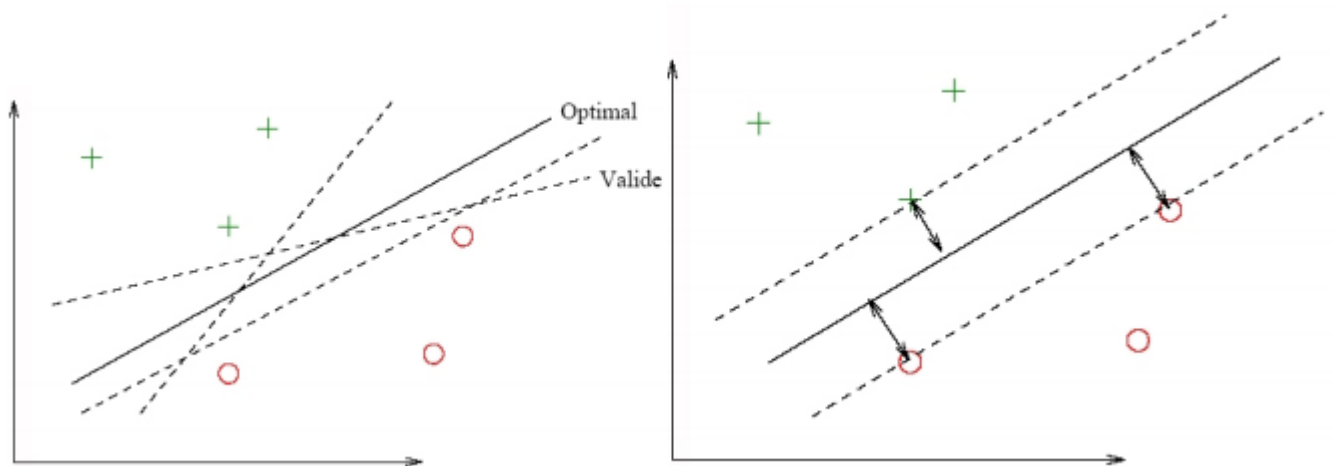


Figure III.3 – Modélisation du concept des machines à vecteurs de support où nous distinguons la recherche d'un hyperplan optimal de séparation.

Dans le but de remédier au problème de l'absence de séparateur linéaire, une astuce de la définition d'une fonction de transformation d'espace (fonction noyau ou kernel) est appliquée en considérant le problème dans un espace de dimension supérieure. En effet, les SVM disposent de différents noyaux pour rendre les données non linéairement séparables, linéairement séparables où probablement une séparation linéaire existe [32, 33]. Divers noyaux existent : polynomial, gaussien et sigmoïde, généralement, le noyau RBF est le plus souvent utilisé durant l'apprentissage du classifieur.

#### Arbres de décision

Un arbre de décision consiste en une représentation graphique, supervisée, désignant un ensemble de règles de décision [34]. En effet, c'est un modèle très simple à mettre en œuvre durant un processus de classification. Le principe consiste en la partition des données en un ensemble de groupes, étant le plus homogènes possible par rapport à la variable en vue de prédiction. En effet, nous prenons en entrée les données étiquetées, et nous fournissons en sortie un arbre. La construction d'un arbre de décision se fait à partir d'une base d'exemples étiquetés où cet arbre

devra être efficace en généralisation. Un exemple serait la disposition de 2 classes : malade ou bien portant avec 2 variables : température et gorge irritée.

Un arbre de décision est connu pour sa facilité d'interprétation durant la représentation graphique des règles en parcourant une branche, en développant un nœud ou en élaguant une branche. Pour classifier un nouvel exemple par l'arbre, le chemin allant de la racine à la feuille devra être démontré.

Notons qu'un arbre de décision peut prendre en considération tout type de données ainsi que des valeurs manquantes et présente l'avantage d'être robuste au bruit. Ceci dit, l'algorithme n'a pas la puissance d'être incrémental, à savoir, que dans le cas où les données évoluent avec le temps, un relancement d'une phase d'apprentissage est en ordre et ceci sur l'intégralité de l'ensemble des données.

#### Réseaux de neurones

Le cerveau humain est constitué de plus de 10 milliards de neurones interconnectés. En utilisant des produits chimiques, chaque neurone obtient des informations, les traite et réagit en conséquence. De même, le neurone artificiel (AN) imite les méthodes simples du neurone de mammifère. Un groupe de neurones artificiels forment une couche et un groupe de couches crée un réseau de neurones artificiels comme mentionné sur la figure III.4. Les réseaux de neurones artificiels effectuent des apprentissages pour de diverses tâches, telles que la classification, la prédiction, la prise de décision, et la visualisation. De nombreux types d'ANN ont été développés pour traiter différents types de données [1].

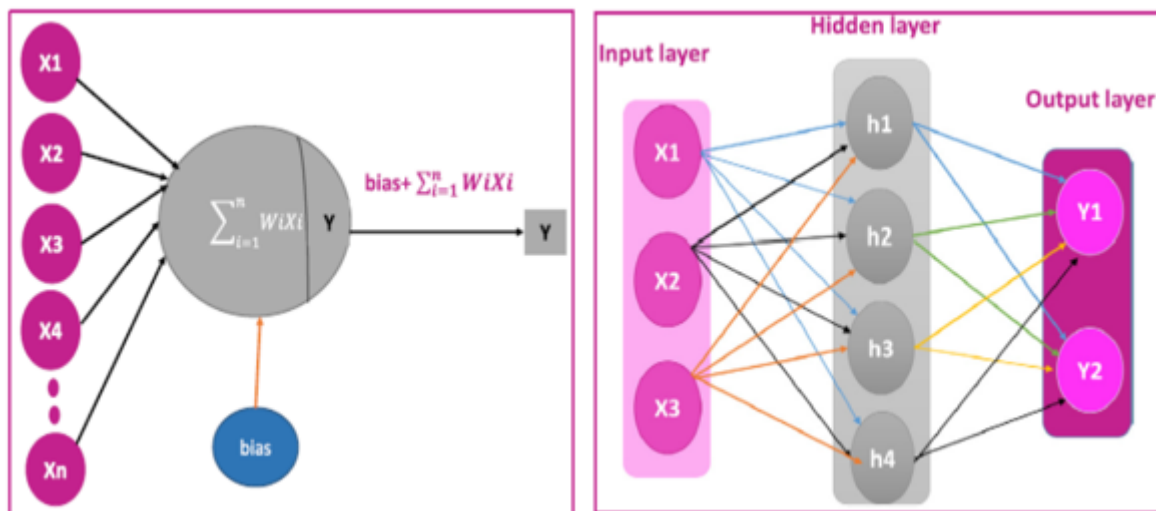


Figure III.4 – À gauche : un neurone artificiel. À droite : un réseau de neurones artificiels. Source [25]

#### 4.4 Application de l'apprentissage automatique pour l'aide au diagnostic médical de cancer du sein

Des algorithmes d'apprentissage automatique ont été utilisés à des fins d'analyse et de classification des images médicales. Plusieurs chercheurs ont utilisé ces méthodes pour développer des modèles de détection et de classification automatisées des masses suspectes dans les mammographies.

Nous allons présenter sur le tableau III.1 quelques approches CAD basées apprentissage automatique, de diagnostic de cancer du sein tout en évoquant les classifieurs et méthodes d'extraction de descripteurs utilisés, évidemment, les mesures de performance couramment utilisées seront soulignées.

Dans [25, 35], les auteurs sont pointés vers une étude approfondie comprenant les techniques de l'apprentissage automatique ainsi que les différentes modalités de l'imagerie médicale, utilisées lors du diagnostic du cancer du sein.

Référence	Base de données utilisée	Contribution	Evaluation des performances
[36]	WDBC	Développement d'un modèle basé K-SVM pour le diagnostic de cancer du sein. K-means a été utilisé pour l'extraction des tumeurs.	Acc = 97.38%
[37]	DDSM	Une approche hybride combinant les SVM avec ANN pour l'identification des tumeurs mammaires.	AUC = 0.932
[38]	MIAS	Segmentation des tumeurs mammaires basée Fuzzy C-means. Les descripteurs de la GLCM ont été extraits et donnés comme entrée à un classifieur Sparse Representation.	Acc = 93.75%

[39]	MIAS	Détection des anomalies mammaires pour la distinction entre les tissus anormaux et les tissus normaux. Les descripteurs issus d'une Ondelette bidimensionnelle ont été extraits et donnés comme entrée à un ANN.	Acc = 91.64%
[40]	DDSM	Classification de cancer du sein comme normal ou anormal basée SVM.	AUC = 94.4%
[41]	MIAS	Classification des tumeurs mammaires comme bénignes ou malignes basée ANN.	Acc = 90.94%
[42]	MIAS	Approche de détection des tumeurs mammaires basée ANN.	Acc = 95.42%

<p>[43]</p>	<p>DDSM</p>	<p>Différenciation entre les ROIs ayant des distorsions d'architecture et les ROIs n'ayant pas des distorsions d'architecture.</p> <p>Une analyse de la texture était réalisée pour effectuer cette distinction via les SVM.</p>	<p>Acc = 92.94%</p>
<p>[44]</p>	<p>DDSM</p>	<p>Classification des tumeurs mammaires par l'extraction des descripteurs d'Haralick pour la caractérisation de la texture.</p> <p>Ces descripteurs étaient fournis à un réseau de neurone de propagation (BPNN).</p>	<p>Acc = 84.72%</p>

[45]	MIAS	Elaboration d'un CAD système pour la détection précoce de cancer du sein. Extraction de multiples descripteurs de la texture comme les moments invariants pour les donner comme entrée à un ANN.	Acc = 96%
------	------	---	-----------

Table III.1 : Approches CAD basées apprentissage automatique de diagnostic de cancer du sein.

## 5 Paradigmes de l'apprentissage profond

### 5.1 Que désignons-nous par l'apprentissage profond et quel est son rôle dans le domaine médical ?

L'apprentissage profond (deep learning) est une branche de l'apprentissage automatique, pouvant extraire automatiquement des caractéristiques essentielles à partir de données brutes d'entrée [2]. En effet, l'apprentissage profond concentre une hiérarchie complexe de caractéristiques d'image en raison de sa capacité d'apprendre par lui-même, contrairement aux algorithmes traditionnels de l'apprentissage automatique qui effectuent l'extraction des descripteurs [25]. Ces caractéristiques ou descripteurs peuvent consister en des arêtes, des lignes et des formes pouvant être quantifiées et permettant donc de représenter l'objet [6]. Habituellement, le mot deep est référencé lorsque plus d'une couche cachée a été déployée entre les couches d'entrée et de sortie de tout réseau de neurones.

Le processus d'apprentissage est réalisé en attribuant des poids ou des paramètres d'un modèle après de nombreuses itérations de telle sorte que le modèle soit optimisé pour une tâche donnée [6].

La « profondeur » de ces systèmes correspond à la capacité du système à combiner des valeurs de base, telles que les emplacements et les intensités des pixels, en des caractéristiques non linéaires sophistiquées pour mieux extraire les attributs locaux et globaux des images.

Dans l'analyse d'images médicales, l'apprentissage en profondeur a été appliqué avec succès à de nombreuses modalités différentes, notamment la tomodensitométrie (CT), l'image par résonance magnétique (IRM), les rayons X et les radiographies conventionnelles [6]. En effet, les algorithmes d'apprentissage profond ont atteint des performances comparables dans certains cas avec celles de l'homme experts [25]. Dans ce sens, l'apprentissage profond peut être utilisé pour extraire des données d'images médicales qui ne seraient pas identifiables par des analyses humaines en vue de l'obtention des informations sur l'état moléculaire, le pronostic ou la sensibilité au traitement.

L'apprentissage profond se compose de réseaux de neurones à plusieurs niveaux dérivant une structure des caractéristiques à travers des images d'entrée. L'amélioration rapide dans la puissance de traitement du processeur graphique a permis le développement d'algorithmes avancés d'apprentissage profond capables de s'exercer avec des millions d'images tout en étant insensibles aux variations de l'image.

De nombreux types de méthodes d'apprentissage profond ont été développés à des fins diverses, citons la reconnaissance et la segmentation des objets en imagerie, la reconnaissance de la parole, la reconnaissance des génotypes et phénotypes et spécialement la classification des maladies.

Un ultime défi à l'interprétation du dépistage de cancer du sein est la faible prévalence des tumeurs malignes : seulement 0,6% environ des mammographies de dépistage contiennent des tumeurs malignes [6]. Étant donné que les algorithmes d'apprentissage en profondeur dépendent de grands ensembles de données d'apprentissage, une préoccupation s'impose sur le fait que les modèles doivent être entraînés à l'aide de données du monde réel qui sont en faible nombre

inhérent de malignités ou d'ensembles de données enrichis. En effet, avec moins de 1 % des cas durant le dépistage contenant de véritables tumeurs malignes, un système formé sur des données au niveau de la population verra relativement peu de cas malins et peut échouer [6].

Bien que ces préoccupations et d'autres soient prises en compte dans la configuration et la formation des modèles d'apprentissage en profondeur, les problèmes généraux à résoudre par tout modèle d'apprentissage en profondeur sont relativement simples.

Les algorithmes d'apprentissage en profondeur exécutent généralement des données à travers plusieurs couches d'algorithmes de réseau neuronal, dont chacune transmet une représentation simplifiée des données à la couche suivante [4]. Ces algorithmes d'apprentissage en profondeur en apprennent progressivement plus sur l'image au fur et à mesure qu'elle traverse chaque couche neutre du réseau. Les couches précoces apprennent à détecter les caractéristiques de bas niveau comme les arêtes et les couches suivantes combinent les caractéristiques des premières couches dans une représentation plus holistique. En utilisant cette technique de représentation détaillée en couche par couche, les cellules cancéreuses pourront être facilement détecté à un stade très précoce.

DeepMind, filiale d'intelligence artificielle de Google basée à Londres, a développé un modèle pour la détection du cancer du sein en utilisant moins d'informations que les médecins humains et en s'appuyant sur l'identification des tumeurs cancéreuses au sein des mammographies. Ce modèle basé sur l'intelligence artificielle a réussi à réduire le nombre de faux négatifs de 9,4% et de faux positifs de 5,7% pour les femmes aux États-Unis [24].

Nous allons citer l'apport de l'apprentissage profond au domaine médical comme suit [2] :

- L'apprentissage profond peut soutenir les décisions cliniques des radiologues de nouvelle génération.
- L'apprentissage profond peut automatiser le flux de travail des radiologues et faciliter la prise de décision pour les radiologues inexpérimentés.
- L'apprentissage profond est destiné à aider les médecins en identifiant et en classifiant automatiquement les lésions pour fournir un diagnostic plus précis.
- L'apprentissage profond peut aider les médecins à minimiser les erreurs médicales et à augmenter l'efficacité médicale dans le processus de l'analyse d'images médicales.

- Les résultats du diagnostic automatisé basé sur l'apprentissage profond et effectué sur les images médicales, seront largement utilisés dans les prochaines décennies.

## 5.2 Réseaux de neurones à convolution

Les réseaux de neurones convolutifs (CNN) sont les algorithmes d'imagerie les plus utilisés. Ceci, depuis leur sortie initiale en 1989 [25]. En effet, les réseaux de neurones convolutifs sont un type de réseau de neurones artificiels basés sur l'apprentissage en profondeur.

Les CNN consistent en une hiérarchie de couches, chaque couche transforme les données d'entrée en résumé représentant les images, par la suite, la couche de sortie fait des prédictions en combinant ces caractéristiques [46]. Les CNN maintiennent l'intégrité spatiale des images d'entrée, à savoir la manière dont les pixels sont combinés les uns aux autres. L'ultime rôle des CNN est de réduire les images dans une forme plus facile à traiter, sans perdre les descripteurs essentiels pour obtenir une bonne prédiction.

Notons que les CNN préservent l'intégrité spatiale dans les images d'entrée en extrayant des caractéristiques de ces images à l'aide des filtres convolutifs. Les filtres disposent d'un ensemble de poids qui sont appliqués aux valeurs de pixels dans l'image d'entrée et seront mis à jour par le processus de rétro-propagation pendant la phase d'apprentissage [46].

Les CNN utilisent une fonction de perte (loss function) pour calculer la marge d'erreur entre la sortie prévue et la classe réelle. Cette erreur de marge est ensuite utilisée pour mettre à jour les poids afin de réduire la fonction de perte et donc l'erreur de marge. A cet égard, le processus de filtrage consiste à faire glisser un filtre convolutif sur une image pour la génération d'une map de caractéristiques, donc une version filtrée de l'image [46].

Un modèle CNN profond comme mentionné sur la figure III.5, se compose généralement de quelques couches primaires, telles qu'une couche d'entrée, une ou plusieurs couches de convolution, une ou plusieurs couches entièrement connectées (FC), et une couche de sortie calculant les probabilités d'étiquette [1]. Nous allons définir brièvement les couches d'un CNN comme suit :

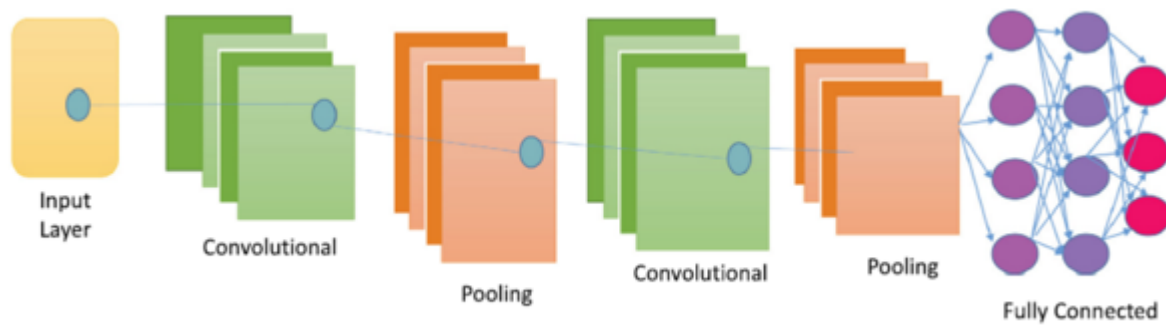


Figure III.5 – Exemple d'un réseau de neurones à convolution. Source [25]

### Couches convolutives

Les couches convolutives sont organisées en cartes de caractéristiques (maps) basées sur le principe de connectivité locale et la théorie de la distribution des poids. La connectivité locale fait référence au fait que chaque unité (neurone) dans une map de caractéristiques est uniquement connectée à travers un groupe de poids vers des patches locaux de la map des caractéristiques à l'étape précédente. Chacune des unités sur une map de caractéristiques partage une ligne de filtre. En effet, diverses banques de filtres sont également utilisées pour diverses maps pour l'extraction de descripteurs où la taille d'un noyau de filtre est généralement de  $3 \times 3$ ,  $5 \times 5$  ou  $7 \times 7$ .

L'explication de la connectivité locale et de la répartition du poids est de minimiser le nombre de paramètres, en prenant ainsi l'avantage du fait que le voisinage local des pixels est fortement corrélé et les statistiques locales d'images sont indépendantes de l'emplacement. Ensuite, la somme pondérée de chaque unité est transmise à une fonction de transformation non linéaire appelée fonction d'activation qui permet la transformation non linéaire des informations transmises au traitement ultérieur [7]. En effet, la fonction d'activation désigne le mécanisme par lequel les neurones artificiels traitent et transfèrent des informations. Il existe différents types de fonctions d'activation qui peuvent être utilisées dans les réseaux de neurones en fonction des caractéristiques de l'application [2].

Les couches de convolution sont responsables de l'apprentissage des descripteurs de haut niveau, tels que les bords, tandis que les couches FC apprennent les descripteurs au niveau du pixel. En dehors des couches primaires [1].

### Couche de pooling

La couche de pooling effectue une procédure de sous-échantillonnage des maps de caractéristiques pour fusionner des descripteurs similaires de la couche convolutive en un seul (sémantiquement) [7]. En effet, une couche de pooling réduit progressivement la taille spatiale de la représentation pour réduire la quantité de paramètres et de calculs dans le réseau [1]. L'opération de pooling la plus favorisée est le max-pooling qui est utilisé pour sélectionner le neurone active des maps de caractéristiques précédentes en entrée de la couche suivante [6], son principe est mentionné sur la figure III.6 suivante :

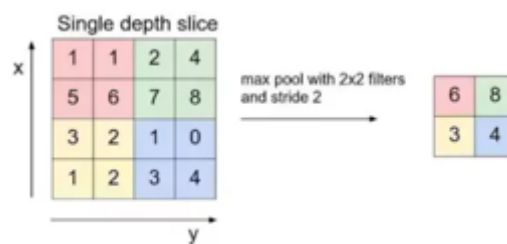


Figure III.6 – Processus de max-pooling où la fenêtre de filtre se déplace de deux pixels vers la droite (stride/pas = 2).

### Couche entièrement connectée

Comme nous pouvons le constater dans un réseau de neurones à un perceptron multicouche, les unités de cette couche sont complètement connectées à toutes les unités de la couche précédente en reliant tous les neurones entre deux couches. En effet, pour réduire la sortie de grande dimension de la couche précédente, les caractéristiques extraites de la dernière couche de convolution sont aplaties en une représentation vectorielle qui est l'entrée de la couche dense suivante [6].

La couche entièrement connectée sera mappée sur la sortie, et une fonction d'activation de distribution probabiliste telle que la fonction sigmoïde sera appliquée pour prédire les probabilités des classes de sortie [6].

Un défi majeur associé à l'utilisation des CNN pour l'analyse d'images médicales est la dépendance des CNN à un grand nombre d'images d'apprentissage. Cependant, la taille des ensembles de données d'images médicales est souvent réduite et l'étiquetage des données prend beaucoup de temps, ce qui nécessite beaucoup d'efforts de la part d'experts qualifiés. Dans des recherches

récentes, l'un des sujets bien connus est l'apprentissage par transfert qui stocke les poids appris de la tâche A et les utilise pour entraîner une autre tâche B afin d'améliorer les performances des réseaux de neurones profonds. De nombreux modèles bien connus formés sur des ensembles de données d'images naturelles sont disponibles pour l'apprentissage par transfert, tels que LetNet, AlexNet, VGG et GoogleNet (qui sont des CNN basés sur l'exploitation spatiale), ResNet, Inception-V3 et Inception-V4 (qui sont des CNN basés sur la profondeur), DenseNet (qui sont des CNN basés sur plusieurs chemins), le réseau neuronal d'attention résiduelle et le réseau Convolutional Block Attention (qui sont des CNN basés sur l'attention) [6].

L'architecture d'un CNN est un facteur majeur de son efficacité et performance. Comment les couches sont organisées, les éléments utilisés dans chaque couche, et comment ils sont construits. Tous ces facteurs influencent la vitesse et la précision auxquelles différentes tâches peuvent être effectuées. Dans [25], les auteurs montrent les architectures courantes des CNN. En effet, U-Net et Faster RCNN sont les modèles basés CNN les plus souvent utilisés dans la segmentation d'images médicales et la détection d'objets [6].

### 5.3 Application de l'apprentissage profond pour l'aide au diagnostic médical de cancer du sein

Au cours des dernières années, les modèles d'apprentissage en profondeur, spécialement, les réseaux de neurones convolutifs (CNN) ont atteint des performances remarquables dans la détection des lésions dans les mammographies, pour la classification des tumeurs mammaires et pour les applications médicales en général [7].

Nous allons présenter sur le tableau III.2 quelques approches CAD basées apprentissage profond de diagnostic de cancer du sein.

Dans [25, 1], les auteurs sont pointés vers une étude des différentes techniques d'apprentissage profond ainsi que les architectures spécifiques pour la détection et la classification de cancer du sein.

Référence	Base de données utilisée	Contribution	Evaluation des performances
[47]	INbreast	Détection et classification des tumeurs mammaires basées Faster RCNN	AUC = 0.85
[48]	DDSM	Extraction des régions d'intérêt dans les mammographies par les modèles suivants, basés CNN : VGG16, ResNet50, Inception v3.	Acc = 97.4%
[49]	DDSM	Classification des tumeurs mammaires en bénignes ou malignes basée DenseNet II.	Acc = 94.55%
[50]	DDSM	Classification des tumeurs basée fusion des algorithmes DCNN et les SVM.	Acc = 87.2%
[51]	DDSM	Classification des tumeurs en malignes ou bénignes basée mask RCNN.	Acc = 98%

[52]	DDSM	Détection des tumeurs mammaires basée l'algorithme de YOLO.	Acc = 99.2%
[52]	DDSM	Classification des tumeurs mammaires détectées par YOLO basée : regular feedforward CNN ResNet-50 Inception ResNet-V2	Acc = 94.5% Acc = 95.8% Acc = 97.5%
[5]	DDSM	Détection, segmentation et classification des tumeurs mammaires basées l'algorithme de U-net	AUC = 99.88%

Table III.2 : Approches CAD basées apprentissage profond de diagnostic de cancer du sein

## 6 Conclusion

Les domaines d'apprentissage automatique et profond émergeant de l'intelligence artificielle, prennent de l'ampleur de plus en plus que ce soit dans l'analyse de l'imagerie médicale ou le diagnostic de cancer du sein spécialement. En effet, du fait que ce domaine exige un énorme flux de données qui a été relevé suite aux diverses techniques de sauvegarde et de stockage d'images médicales pour une éventuelle implémentation de modèles de prédictions de nouveaux cas à partir de ces données.

Nous allons exposer dans le chapitre prochain la problématique tirée dans ce domaine d'actualité ainsi que le cadre méthodologique suivi pour l'implémentation de l'approche proposée.

## Chapitre IV

Problématique, approche proposée de  
pronostic automatique de cancer du sein et  
évaluation des résultats obtenus

## 1 Introduction

Au fil des années et par l'augmentation du volume des données médicales ainsi que la puissance de calcul, les apprentissages automatiques et profonds sont devenus un outil de modélisation puissant où les techniques d'apprentissage ont remplacé plusieurs aspects de l'implication humaine.

Bien que ces modèles d'apprentissage très approfondis aient obtenu de bien meilleures performances de classification que les modèles moins profonds, des défis subsistent avec la détection manuelle et la complexité de la mémoire pendant le processus d'apprentissage. La problématique de recherche s'appuie sur la création de modèles prédictifs basés algorithmes d'apprentissage supervisé utilisant des données d'entrées en parallèle avec des sorties connues dans le but de prédire de futures sorties.

Nous évoquerons dans ce chapitre la problématique extraite dans ces domaines en action ainsi que le pipeline de l'approche proposées de pronostic automatique de cancer du sein.

## 2 Problématique et plan d'action

En raison de la grande disponibilité des données biomédicales, il y a eu d'énormes opportunités et défis pour la recherche en médecine numérique. Dans ce sens, l'intelligence artificielle a révolutionné les techniques de diagnostic et de pronostic des maladies [24] où des algorithmes puissants d'apprentissage automatique et d'apprentissage profond offrent une myriade d'opportunités pour booster la médecine numérique.

Nos travaux de recherche s'orientent vers le cancer du sein, en effet, il désigne une maladie très fréquente chez les femmes : environ 19,7 millions de nouveaux cas ont été enregistrés dans le monde et une mortalité de 5,8 millions de femmes est attendue dans la prochaine décennie [6].

Parmi toutes les modalités d'imagerie de dépistage et diagnostic de cancer du sein, la plupart des chercheurs ont adopté la mammographie au lieu des ultrasons ou des IRM pour la classification automatique des tumeurs mammaires basée sur deux classes (bénignes ou malignes) [1]. En

effet, les mammographies prétraitées permettent généralement d'extraire une meilleure intensité ainsi que de meilleures caractéristiques de texture pour la classification de cancer du sein.

Cependant, trouver une bonne représentation de la densité des tissus mous dans les mammographies est difficile. De plus, les mammographies fournissent de très faibles caractéristiques basées sur la forme de la lésion ou de la calcification du sein, et aucune extraction de caractéristique thermique n'est possible pour la classification. Afin de séparer les cas normaux des cas positifs durant le processus de dépistage, la détection, la localisation et la qualification automatisées sont absolument nécessaires [24]. En effet, les cellules bénignes ont une forme bien définie et sont de grande taille alors que la taille des cellules malignes est très petite. En raison de sa petite taille et de la présence de tissus adipeux et denses, il devient très difficile de détecter une tumeur maligne au stage primaire. Par conséquent, des systèmes automatisés ou informatisés avancés sont nécessaires pour détecter la tumeur du sein [53].

En effet, durant la segmentation de la mammographie l'ultime but est l'extraction des régions d'intérêt (ROI) suspectes comprenant des masses ainsi que des tissus normaux qui peuvent sembler suspects. Par conséquent, des faux positifs au cours du processus de dépistage peuvent apparaître et en nombre élevé. En effet, ici réside la première partie de notre problématique celle de réduction de l'occurrence de faux positifs, par l'adoption de techniques meilleures et plus avancées telles que les réseaux de neurones profonds (DNN).

Les réseaux de neurones profonds (DNN) sont la forme la plus complexe d'apprentissage automatique qui ont la capacité de traiter d'énormes quantités de données et de découvrir les descripteurs sous-jacents tout en étant alimentés par des unités de traitement graphique (GPU) pour un traitement plus rapide d'architectures aussi complexes. En effet, l'apprentissage profond est de plus en plus utilisé pour la détection des tissus cancéreux ou des lésions sur les images radiologiques, ainsi que pour l'extraction de caractéristiques cliniquement pertinentes à partir des données d'image. Des études récentes ont également prouvé que les systèmes de diagnostic basés sur l'apprentissage en profondeur fonctionnent avec une plus grande précision en comparaison aux systèmes de détection assistée par ordinateur (CAD). L'extraction et la sélection des descripteurs sont également automatiquement effectuées par les DNN. En effet, avec l'adoption croissante des Deep-CNN, l'analyse d'images médicales a été révolutionnée [24, 6].

Les réseaux de neurones convolutifs (CNN) peuvent transformer l'images brutes dans une représentation de haut niveau, augmentant ainsi les performances des systèmes de détection du cancer. En effet, nous allons appliquer un algorithme basé U-Net pour une segmentation entièrement automatisée des tumeurs cancéreuses et sans aucune intervention d'un spécialiste lors du développement de notre approche.

La deuxième phase de notre problématique concerne la réalisation d'une classification judicieuse des tumeurs détectées durant la première phase. En effet, nous ferons apprendre les algorithmes de l'apprentissage automatique comme les SVM sur des tumeurs étiquetées pour trouver la meilleure hypothèse qui mappe les données d'entrée à la sortie souhaitée et construire un modèle pour la classification et la prédiction.

Durant le processus d'analyse des mammographies, l'extraction de descripteurs discriminants demeure la phase cruciale pour l'application des techniques d'apprentissage automatique [54]. Plus précisément, l'analyse de la texture du tissu mammaire est essentielle pour repérer les anomalies qui peuvent éventuellement être cancéreuses, dans ce sens, des informations riches peuvent être obtenues et utilisées pour étudier les associations avec le cancer de sein.

Les relations linéaires ont prouvé leur simplicité d'application dans différents domaines de recherche, cependant, elles sont limitées dans la modélisation d'une image par rapport à sa structure complexe. D'autre part, les lois de puissance Zipf et Zipf inverse ont prouvé leur puissance pour la caractérisation de la texture des images mammaires durant un processus de détection automatique de cancer du sein [20]. En effet, nous allons fusionner des lois de Zipf et de Zipf inverse avec les filtres de Gabor consistant en des banques de filtres dédiés à l'extraction des descripteurs texturaux de type biologique [55, 56], avec l'ultime but de tirer une variante de l'apport complémentaire de ces méthodes d'analyse et de quantification de la texture. Il est utile de mentionner, que le choix de la texture est réalisé dû à quelques limitations intrinsèques des mammographies où les descripteurs géométriques n'ont pas pu prouver leur puissance de discrimination entre les tumeurs bénignes et les tumeurs malignes.

Donc, l'enjeu majeur ou les principales étapes du plan d'action pour pallier à la problématique de ce travail s'énoncent comme suit :

- Le développement d'une approche complète de pronostic de cancer du sein comprenant

les deux phases complètes, à savoir : la segmentation sémantique et la classification des tumeurs.

- Effectuer la segmentation des tumeurs par l’algorithme VGG-16 U-net qui est basé sur l’apprentissage profond et a pu aboutir à des résultats exceptionnels pour la segmentation sémantique des données biomédicales [57, 6, 6]. En effet, cet algorithme présente la particularité de segmentation lorsque les lésions mammaires s’intègrent dans les tissus denses ou sur les muscles pectoraux au lieu d’une segmentation manuelle (hand-craft) où les radiologues expriment une difficulté majeure à détecter ces tumeurs. Les CNN extraient les descripteurs globaux des images de mammographie. Dans les CNN [7], les premières couches du réseau capture les caractéristiques grossières de base telles que les bords orientés, les coins, les textures et les lignes tandis que les couches suivantes construisent des structures complexes ou des caractéristiques globales. Dans ce sens, l’utilisation de cette technique de représentation détaillée en couche par couche des cellules cancéreuses, permettra d’apprendre en profondeur, les caractéristiques de haut et de bas niveau à partir d’images. De plus, ils ont le potentiel de fonctionner comme des modèles de bout en bout qui prennent des images entières comme entrées et donnent le diagnostic comme sorties sans aucune intervention de l’utilisateur. En fait, la détection et la classification de mammographies entières offrent une solution plus précise car le modèle peut en apprendre non seulement sur les structures anormales du sein mais aussi sur son tissu normal environnant, la taille et l’emplacement des lésions, les artefacts et le bruit [5]. Ceci est crucial pour détecter les masses anormales car cela aide le modèle à différencier le tissu normal des masses anormales en apprenant des caractéristiques plus représentatives du tissu fibroglandulaire normal, en particulier dans les mammographies denses. Par conséquent, le cancer du sein peut être facilement détecté à un stade très précoce.
- Réaliser une classification des tumeurs segmentées en deux classes : tumeurs malignes et tumeurs bénignes basée le descripteur de texture puissant de la vision par ordinateur et l’algorithme incontournable des SVM.

### 3 Segmentation des tumeurs mammaires dans les mammographies basée Deep Learning

#### 3.1 Base de données utilisée

L'une des exigences de base pour développer un algorithme robuste d'apprentissage automatique est la disposition d'un ensemble d'apprentissage suffisamment grand ainsi que différentes classes équilibrées [58].

Notre choix a porté sur la base d'images mammaires DDSM [59], collectée par l'équipe d'experts de l'Université de Floride du Sud. En effet, parmi les exigences de base durant le développement d'un algorithme robuste d'apprentissage profond est la disposition d'une grande quantité de donnée d'apprentissage où la base DDSM répond positivement à ce point par la disposition de 2620 cas de l'organe du sein des patientes classés en 43 volumes différents avec une taille moyenne de  $3\ 000 \times 4\ 800$  pixels, une profondeur de 16 bits et une résolution spatiale de 42 microns. Mentionnons que chaque mammographie est dotée d'informations déterminées par des experts, à savoir, le type de cancer (bénin ou malin) ainsi que la localisation de la lésion.

Un autre point très intéressant, est que chaque mammographie est dotée d'un masque binaire qui n'indique qu'une position générale des anomalies. En effet, ces masques ne fournissent pas de segmentations précises et il est nécessaire de mettre en œuvre des algorithmes de segmentation pour une extraction et un diagnostic précis des tumeurs. Nous présentons sur la figure VI.1 deux mammographies brutes cote à côte avec leurs masques binaires respectifs.

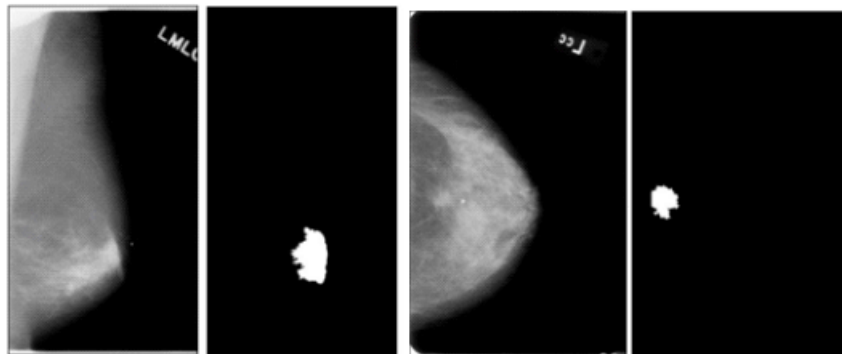


Figure IV.1 – Exemples de mammographies brutes et de leurs masques binaires respectifs.

### 3.2 Pipeline basé l'algorithme VGG U-Net pour la segmentation des tumeurs mammaires

#### Prétraitement

Nous distinguons diverses modalités d'imagerie médicale pour l'analyse des organes du corps. En effet, durant la phase de l'acquisition d'image des contraintes tel qu'un contraste limité ou l'intégration du bruit apparaissent et affectent la forme ainsi que l'emplacement de la région pathologique, générant une dégradation considérable des performances des algorithmes d'apprentissage automatique où un prétraitement éliminera en grande partie des contours faibles ainsi que des parties non liées [60].

Diverses approches d'amélioration du contraste s'appliquent pour mettre en valeur l'aspect visuel des tissus adipeux rendant la visualisation des tumeurs ambiguë, citons l'égalisation adaptative de l'histogramme, le filtre médian, le filtre moyen, le filtre médian adaptatif, le filtre gaussien, l'équations aux dérivées partielles, l'égalisation de bi-histogramme basée sur la logique floue adaptative (AFBHE) et la technique d'amélioration basées sur le masquage flou (UM) [61].

En effet, l'égalisation d'histogramme est l'une des techniques les plus puissantes, dont le principe consiste à étirer le contraste des régions d'histogramme élevées tout en compressant le contraste des régions d'histogramme bas [55]. Par conséquent, une meilleure caractérisation de la texture du sein sera visualisée dans les mammographies.

Nous nous intéressons à la technique de l'égalisation adaptative de l'histogramme pour l'amélioration du contraste des mammographies utilisées pour le développement de notre approche de pronostic automatique de cancer du sein [62]. En effet, nous avons implémenté l'approche proposée dans [63] contenant les étapes suivantes de pré-traitements :

- (a) Suppression des bordures des mammographies.
- (b) Normalisation des valeurs de niveaux de gris dans l'intervalle  $[0,1]$ . En effet, les mammographies sont enregistrées sous forme de tableaux à 16 bits dans les fichiers .dcm. Cela signifie que les valeurs de pixel vont de  $[0, 65535]$  ( $2^{16} = 65535$ ). Ces grandes valeurs entières peuvent potentiellement ralentir le processus d'apprentissage du réseau de neurones.

- (c) Binariser la mammographie à l'aide d'un seuillage pour créer un masque binaire, où 0 indique un pixel d'arrière-plan et 1 un pixel appartenant à la région du sein, à un artefact ou à un bruit.
- (d) Après avoir généré le masque binaire, nous élargissons les limites des contours blancs dans le masque. Cela garantit que nous capturons vraiment toute la région de tous les artefacts en vue de suppression, y compris ses frontières.
- (e) Masquer les artefacts à l'état brut dans la mammographie.
- (f) Normaliser la direction dans laquelle le sein est orienté dans toutes les mammographies.
- (g) Appliquer l'égalisation adaptative de l'histogramme (CLAHE) pour l'amélioration du contraste des mammographies.

Nous présentons sur la figure VI.2, quelques résultats des étapes de pré-traitement indiquées précédemment.

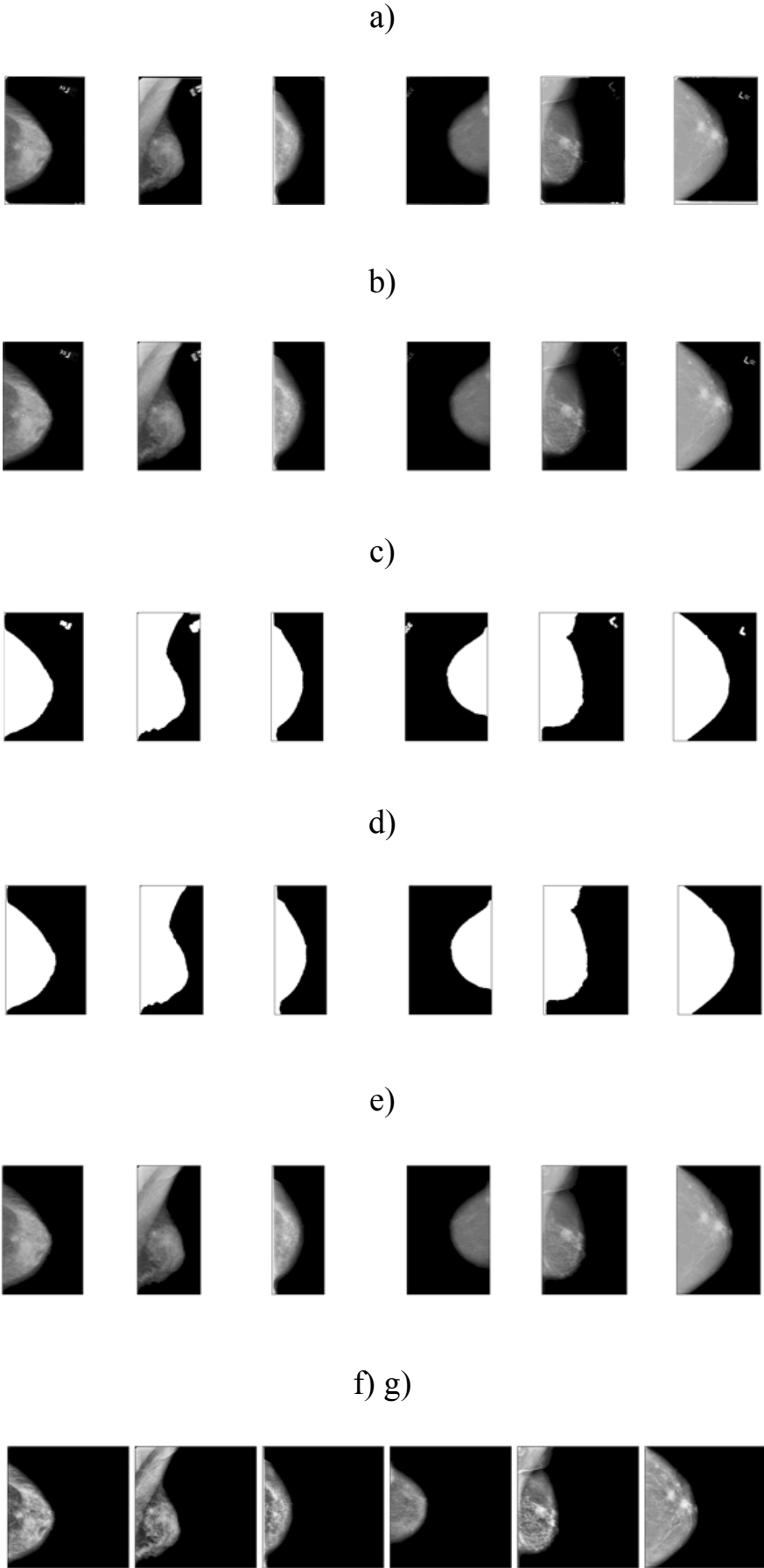


Figure IV.2 – Étapes du prétraitement appliqué aux mammographies. Source [63]

### Segmentation des tumeurs basée VGG-16 U-Net

Nous avons implémenté l'approche proposée par Cleon Wong [63] pour la segmentation des tumeurs mammaires où les mammographies complètes serviront d'entrées 2D dans un modèle de segmentation d'image avec leurs masques binaires respectifs comme étiquettes du ground truth. Le modèle produira un masque prédictif pour chaque mammographie.

Comme mentionné sur la figure VI.3, nous distinguons deux blocs pour le VGG U-Net utilisé, à savoir : le bloc d'encodeur où il s'agit généralement d'une séquence traditionnelle de couches convolutives et de couches de max-pooling. Cette architecture convolutive peut être de notre propre conception ou nous pouvons l'extraire de n'importe quel CNN préexistant comme AlexNet, VGG-16 ou ResNet. Pour ce travail, le VGG-16 a été appliqué pour le bloc encodeur. En effet, comme mentionné sur la figure VI.3, VGG-16 [7] se compose de sept couches convolutives, chacune suivie d'une fonction d'activation ReLU-activation, et cinq opérations de max pooling. La première couche convolutive du VGG-16 produit 64 canaux puis, à mesure que le réseau s'approfondit, le nombre de canaux double après chaque opération de max pooling jusqu'à ce qu'il atteigne 512. Sur les couches suivantes, le nombre de canaux ne change pas.

D'autre part, le bloc décodeur s'agit d'un réseau de convolutions de suréchantillonnage et de couches de concaténation symétrique du bloc encodeur. Comme nous pouvons le constater sur la figure VI.3, des cartes de caractéristiques sélectionnées du bloc codeur sont concaténées à leurs couches correspondantes dans le bloc décodeur. Étant donné que les premières couches de CNN ont tendance à apprendre des caractéristiques de bas niveau tandis que les couches ultérieures apprennent plus de caractéristiques de haut niveau, cette concaténation permet à U-Net de cartographier les caractéristiques apprises à tous les niveaux pour produire la map pleine résolution finale de la segmentation prédite.

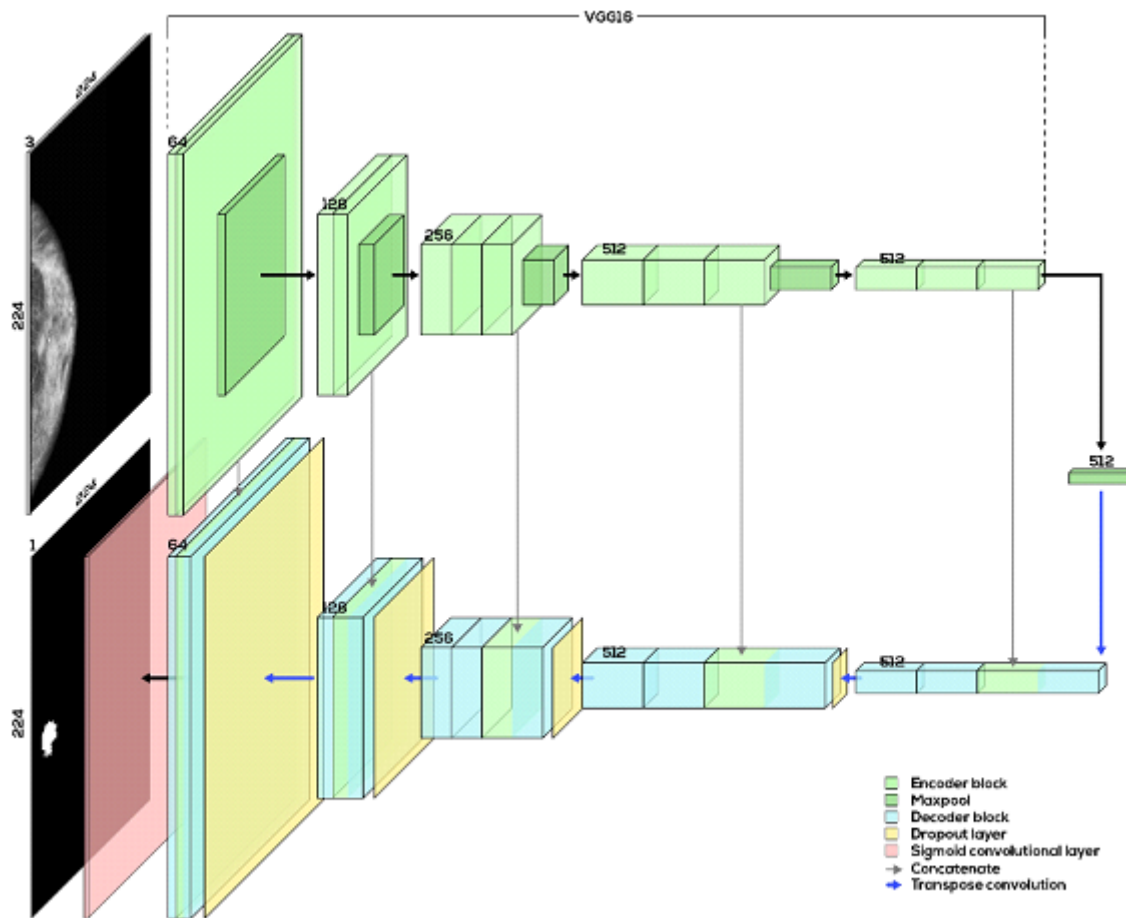


Figure IV.3 – Architecture du modèle VGG U-Net utilisé pour la segmentation des tumeurs. Source [63]

#### Evaluation des résultats obtenus

Le modèle a été entraîné dans les configurations suivantes : **le nombre d'epochs est 50.**

Les pixels normaux sont prédominants dans les images car ils représentent le tissu normal du sein et l'arrière-plan. Au contraire, les pixels bénins et malins représentent de petites zones anormales dans le sein. Ainsi, si nous utilisons comme loss function : the cross-entropy [5], le modèle prédit la majorité des pixels normaux car ils représentent la classe prédominante, et l'évaluation sera biaisée.

Pour les problèmes de segmentation sémantique, la métrique d'évaluation des performances Intersection-Over-Union (IoU) est plus couramment utilisée. En termes simples, l'IoU est le pourcentage de chevauchement entre la segmentation prédite et le ground truth, divisé par la

zone d'union entre la segmentation prédite et le ground truth. Comme mentionné sur la figure VI.4.

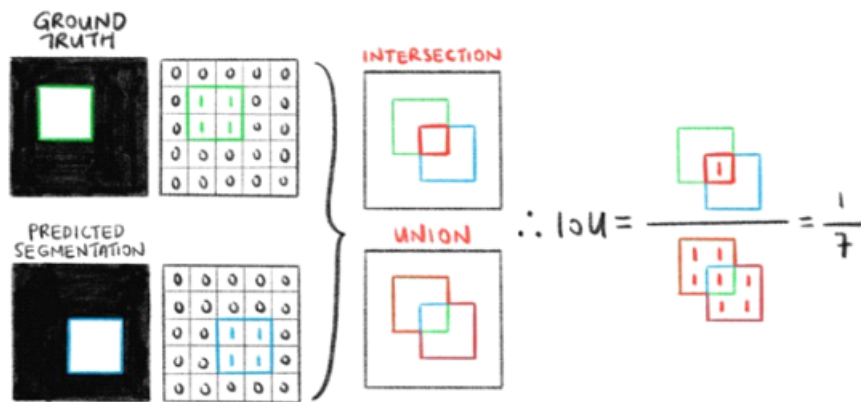


Figure IV.4 – Exemple simplifié de calcul de l'IoU pour une segmentation prédite. Source [63]

Des valeurs bonnes de IoU d'environ 0,20 était obtenue ainsi que des précisions de acc = 99% et loss = 0.01% pour les divers epochs utilisés étaient atteintes.

Nous allons évoquer quelques segmentations dont on a abouti et prédites par le modèle implémenté, ceci sur la figure VI.5.

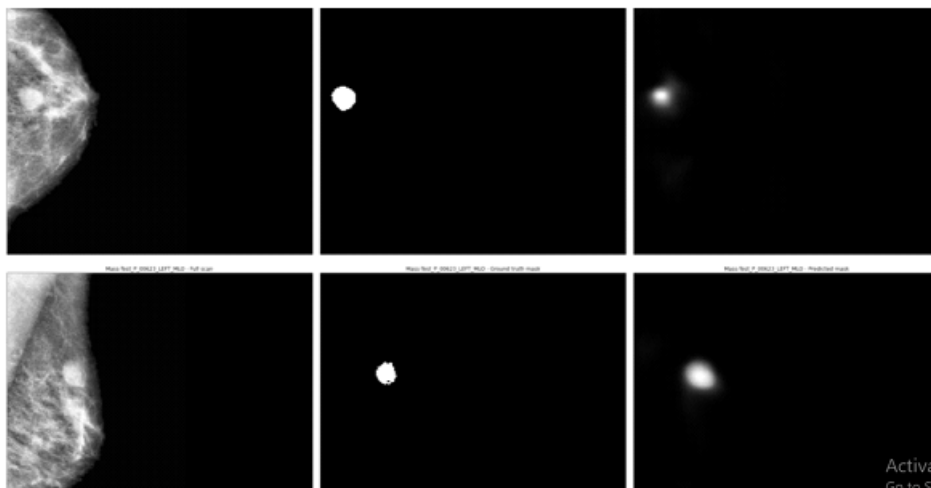


Figure IV.5 – Régions d'intérêt détectées avec des IoU de l'ordre de 0,20 où les régions du milieu représentent les masques du ground truth, les régions complètement à droite représentent les masques prédits du modèle.

Nous allons évoquer davantage de résultat de segmentation des tumeurs sur la figure VI.6.

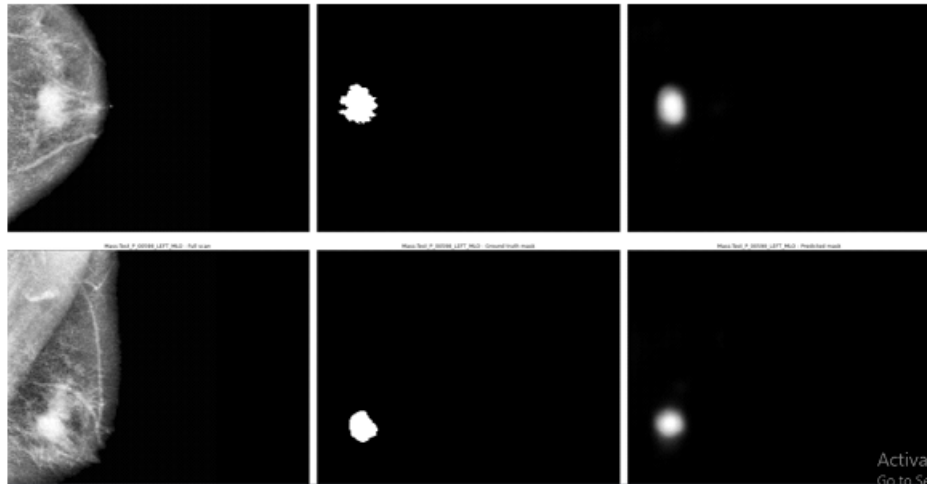


Figure IV.6 – Régions d'intérêt détectées où les régions du milieu désignent les masques du ground truth, et les régions complètement à droite représentent les masques prédits du modèle.

Par une inspection visuelle, les segmentations prédites semblent assez précises. En effet, le modèle est performant pour segmenter la plupart des tumeurs. Le modèle est capable de segmenter le noyau des anomalies de masse dans la plupart des mammographies.

#### Post-traitement

Pour classer les images, il faut en extraire régions d'intérêt par cropping les images à l'aide des masques prédits du nos modèle de segmentation, qui se divise en 2 étapes important comme suit :

#### **première étape : extraction les coordonnées du régions d'intérêt from masque prédit**

- (a) obtenez masque prédit.
- (b) trouver le plus grand contour.
- (c) trouver les points extrêmes.

#### **deuxième étape : cropping image.**

Nous présentons sur la figure VI.7, quelques résultats des étapes de post-traitement indiquées précédemment :

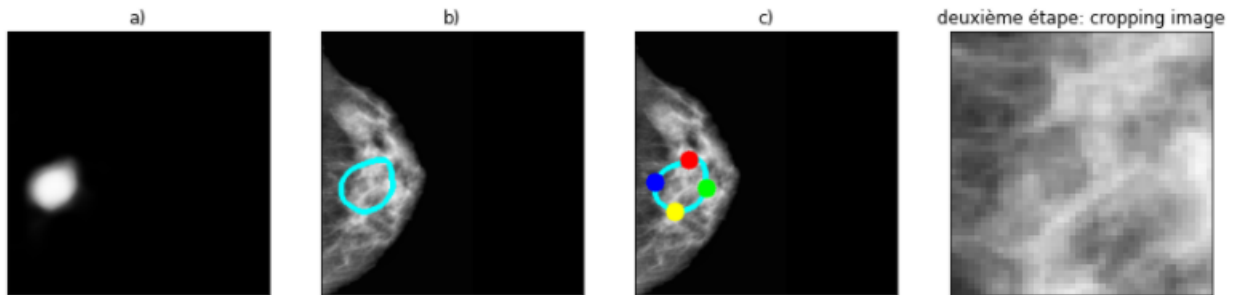


Figure IV.7 – Étapes du post-traitement appliqué aux mammographies.

## 4 Classification des tumeurs mammaires basée SVM

### 4.1 Régions d'intérêt utilisées

Nous allons utiliser les régions d'intérêt obtenues suite à l'implémentation de l'approche proposée dans [63] et détaillée au cours de la section précédente. En effet, nous nous sommes basées sur une segmentation par l'apprentissage profond pour pallier aux limites des segmentations manuelles (hand-craft) qui génère un grand taux de faux positifs.

En effet, l'ultime but est de faire face à certains défis de différentes catégories de densité mammaire où des mammographies qui contiennent des seins denses et extrêmement denses ont un tissu normal brillant semblable aux masses anormales. Cependant, l'approche implémentée dans notre cas peut détecter des masses aussi difficiles et obtenir de bons résultats pour la plupart des cas de ces types. Cela pour améliorer les performances de l'étape de classification proposée.

### 4.2 Pipeline basé l'algorithme des SVM pour la classification des tumeurs mammaires

Nous présentons sur la figure VI.8, le pipeline suivi pour la classification des tumeurs mammaires. Il est utile de mentionner que la phase du prétraitement a déjà été élaboré dans le pipeline de la segmentation des régions d'intérêt.

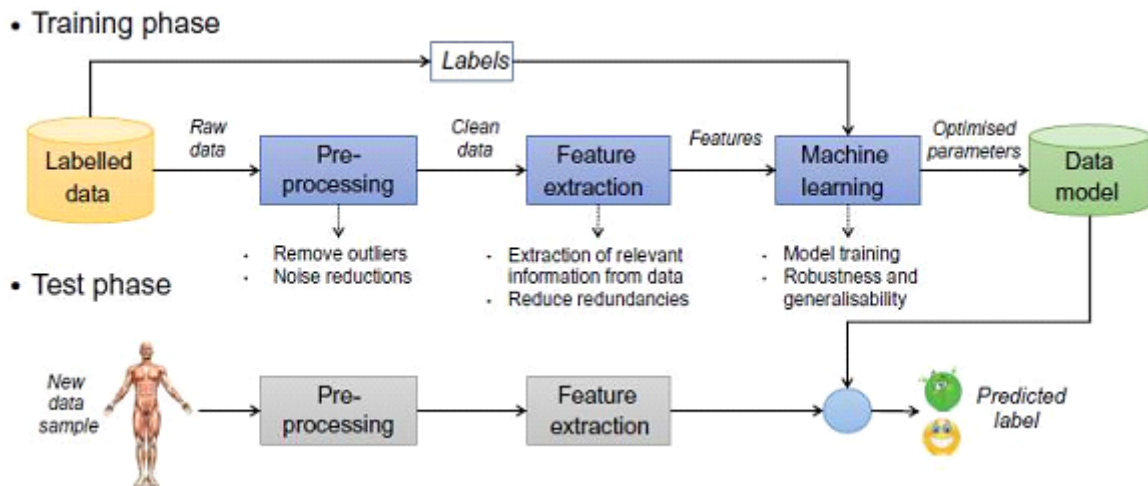


Figure IV.8 – Pipeline suivi pour la classification des tumeurs mammaires. Source [64].

### Extraction des descripteurs

L'extraction des descripteurs présente la seule information fournie à l'algorithme d'apprentissage automatique pour la prise de décision. En effet, nous convertissons les données brutes vers une représentation moins redondante et plus adéquate pour les algorithmes d'apprentissage automatique.

Les lois de Zipf et de Zipf inverse sont des approches perceptuelles qui analysent le contenu structurel des images durant la caractérisation de la texture. Nous avons mentionné dans [11] que l'être humain fixe rarement son regard sur des régions présentant une distribution gaussienne, cependant, il est attiré par des régions obéissant à une distribution exponentielle et fréquemment aux régions manifestant des distributions selon des lois puissance. En autre point, les filtres de Gabor ont été conçu pour être identiques aux performances des cellules corticales visuelles du mammifère. En effet, ils extraient des traits selon diverses orientations ainsi qu'échelles [65] et fonctionnent identiquement à quelques neurones du cortex visuel humain, ceci, suite à la modélisation de la sensibilité fréquentielle et directionnelle relative au fonctionnement du cortex visuel humain [66, 67].

Nous allons fusionner ces deux approches de caractérisation de la texture et modélisant la vision humaine pour la distinction entre le tissu normal et le tissu pathologique. En effet, la classification des modalités histopathologiques et la classification des zones cancéreuses présentent des tâches difficiles jusqu'à ce jour.

Analyse et caractérisation de la texture des zones d'intérêt par les lois de Zipf et de Zipf inverse

Les lois de Zipf et de Zipf inverse analysent statistiquement la complexité structurelle de la texture d'une image en caractérisant la structure sous-jacente des lésions mammaires. En effet, nous allons encoder les régions d'intérêt par le codage des rangs généraux jugé le plus adéquat pour l'étude de la texturation fine de l'image.

Le codage des rangs généraux (évoqué dans le chapitre II) est appliqué sur les pixels des zones d'intérêt pour obtenir les courbes de Zipf et Zipf inverse, exposées sur la figure VI.9 et VI.10 respectivement où les courbes de Zipf et de Zipf inverse obtenues à partir de deux zones d'intérêts : l'une portant une tumeur bénigne et l'autre portant une tumeur maligne sont mentionnées.

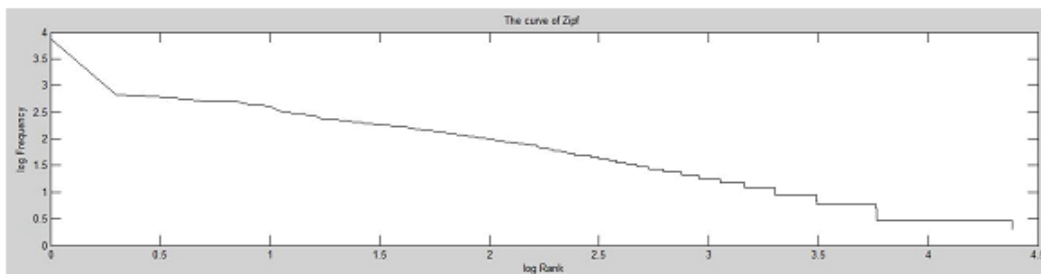
Il est utile de mentionner que l'utilisation de tous les niveaux de gris relatifs aux pixels dans les régions d'intérêt lors de la classification générera une nette redondance. Dans ce sens, une extraction des descripteurs texturaux à partir des courbes de Zipf et Zipf inverse est effectuée pour les fournir comme entrée aux SVM durant la phase de classification.

Dans le cas de la zone d'intérêt portant une tumeur bénigne, nous notons une ordonnée à l'origine élevée du fait que le tissu mammaire est plutôt homogène et nous distinguons ainsi un motif répété plusieurs fois. Par ailleurs, pour la zone d'intérêt présentant une tumeur maligne, nous observons une ordonnée à l'origine de la courbe de Zipf nettement plus basse du fait que la tumeur maligne présente une texture hétérogène causée par la nature invasive des tumeurs malignes et par conséquent nous ne distinguons pas de sur-représentation du motif homogène, bien au contraire, plusieurs motifs hétérogènes provoquent que l'ordonnée à l'origine soit basse.

## Tumeur bénigne



## Courbe de Zipf



## Courbe de Zipf inverse

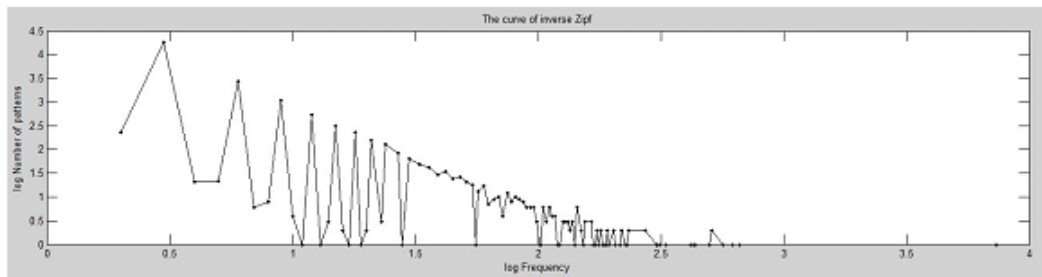
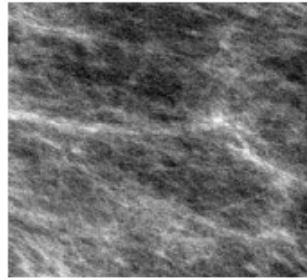


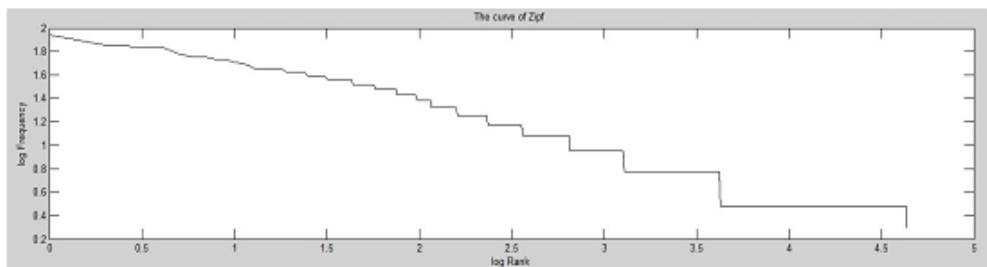
Figure IV.9 – Courbes de Zipf et de Zipf inverse d'une zone d'intérêt portant une tumeur bénigne.

Nous pouvons affirmer que la distinction entre les courbes de Zipf inverses pour la zone d'intérêt portant une tumeur bénigne et la zone d'intérêt portant une tumeur maligne est évidente. En effet, l'ordonnée à l'origine de la courbe de Zipf inverse de la tumeur bénigne est inférieure à celle de la courbe de Zipf inverse de la tumeur maligne, ceci revient au fait que la région d'intérêt de la tumeur maligne présente une texture complexe, donc le nombre de l'occurrence est très élevée, ce qui fait que la courbe de Zipf inverse comporte un grand nombre de motifs qui apparaissent une fois.

## Tumeur maligne



## Courbe de Zipf



## Courbe de Zipf inverse

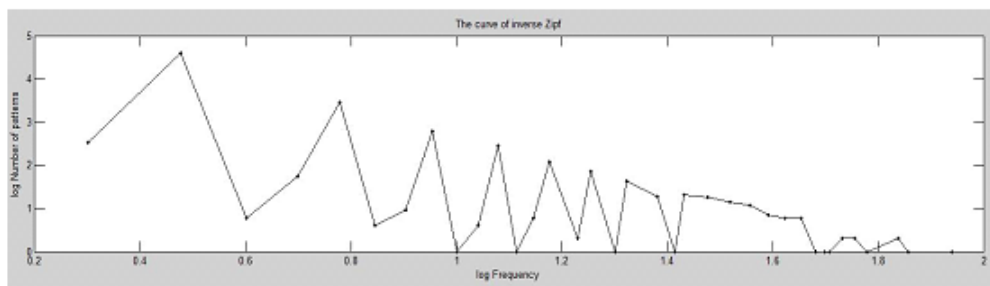


Figure IV.10 – Courbes de Zipf et de Zipf inverse d’une zone d’intérêt portant une tumeur maligne.

Si nous effectuons une synthèse, nous pourrions affirmer que les cellules relatives aux tissus pathologique se dilatent tout en rendant le tissu plus dense. Par conséquent de nette irrégularités dans les textures se manifesteront. D’autre part, les tissus normaux ou présentant une tumeur bénigne, se verront attribuer des textures plus régulières avec un tissu plus foncée. Cette constatation, nous mènera à affirmer que la modélisation des zones d’intérêt, encodées par le codage

des rangs généraux, par les lois de Zipf et de Zipf inverse, rendra possible la distinction entre les tumeurs malignes et les tumeurs bénignes par le biais des descripteurs calculés à partir des courbes de Zipf et de Zipf inverses à partir de chaque région d'intérêt.

Les descripteurs dérivés des courbes de Zipf et de Zipf inverses sont les suivants [11] :

— Aire délimitée par la courbe de Zipf :

Nous calculons l'aire délimitée par la courbe de Zipf à partir des courbes de Zipf obtenues suite au codage de l'image par le codage des rangs généraux. Soit  $n$  le nombre de motifs de la courbe,  $f_i$  la fréquence et  $r_i$  le rang du motif  $i$ , l'aire de la courbe est donnée par la formule VI.1 :

$$A = \sum_{i=1}^{n-1} \frac{(f_i + f_{i+1})(r_{i+1} - r_i)}{2} \quad (\text{IV.1})$$

Avec :  $n$  : le nombre de motifs de la courbe.

$f_i$  : la fréquence.

$r_i$  : le rang du motif  $i$ .

— Pentés des courbes de Zipf et de Zipf inverse :

La pente moyenne d'une courbe est le coefficient directeur de la droite des moindres carrés. Elle est donnée par la formule VI.2 :

$$P = \frac{n \sum_{i=1}^n y_i x_i - \sum_{i=1}^n y_i \sum_{i=1}^n x_i}{n \sum_{i=1}^n x_i^2 - (\sum_{i=1}^n x_i)^2} \quad (\text{IV.2})$$

— Entropie1 de la courbe de Zipf :

L'entropie relative aux motifs des images mammographies est définie par la formule VI.3 :

$$H_w = - \log_R \quad (\text{IV.3})$$

Dans cette formule,  $f(r)$  représente la fréquence du motif pour la ligne  $r$ ,  $T$  représente le nombre total de motifs différents, et nous utilisons un logarithme avec la base  $R$ .

— Entropie2 de la courbe de Zipf :

L'entropie relative à la fréquence d'apparition des motifs est définie par la formule suivante :

$$H_f = -\log_F \quad (\text{IV.4})$$

Dans cette formule,  $I(f)$  représente le nombre de motifs distincts ayant une fréquence d'apparition égale à  $f$  et  $F$  représente le nombre entier d'occurrences des motifs dans l'image.

— Constante alpha de la courbe de Zipf :

La loi de Zipf est fortement exprimée de la façon suivante : Quel que soit un motif appartenant à une image, la fréquence d'apparition de ce motif \* son rang dans une liste ordonnée décroissante des fréquences d'apparition des motifs = constante [11].

Analyse et caractérisation de la texture des zones d'intérêt par les filtres de Gabor :

Les filtres de Gabor se localisent dans les deux domaines spatial et fréquentiel. Par conséquent, ils réalisent une décomposition multi-résolution.

Pour les images 2D, le filtre de Gabor est généré par une gaussienne bidimensionnelle modulée par une fonction sinusoïdale complexe [66]. La formule du filtre de Gabor 2D est donnée par [66] :

$$h(x, y) = \frac{1}{\sigma_x \sigma_y 2\pi} \exp -\frac{x^2}{2\sigma_x^2} - \frac{y^2}{2\sigma_y^2} \exp (j2\pi u_0 (x \cos \theta + y \sin \theta)) \quad (\text{IV.5})$$

Enveloppe Gaussienne :

$$g(x, y) = \frac{1}{\sigma_x \sigma_y 2\pi} \exp -\frac{x^2}{2\sigma_x^2} - \frac{y^2}{2\sigma_y^2} \quad (\text{IV.6})$$

Avec :  $X = x \cos \theta + y \sin \theta$

$Y = -x \sin \theta + y \cos \theta$

Où  $\sigma_x$  et  $\sigma_y$  sont les écarts-types respectivement le long des axes  $x$  et  $y$  (ou les constants spatiales du filtre), elles déterminent la largeur du filtre.

$U_0$  : la fréquence centrale.  $\theta$  : l'angle de rotation de  $[x, y]$  par rapport à  $(x, y)$ , il donne l'orientation de l'enveloppe Gaussienne  $g(x, y)g(\mathbf{x}, y)$ .

Les filtres de Gabor sont puissants pour la caractérisation de la texture dû au fait qu'ils isolent au sein d'une image ; des constituantes très variées allant d'objets nettement définis jusqu'à de fins détails d'orientation particulière. En effet, ceci en changeant uniquement deux paramètres : la fréquence et l'orientation.

Un point puissant des filtres de Gabor est leur capacité à se régler via différentes fréquences et orientations [68], par conséquent, détecter les variations et changements progressifs de texture. Les filtres de Gabor appartiennent au filtrage passe-bande et conservent l'information prise sur le spectre d'une image via la bande de fréquence sélectionnée. Ces filtres explorent des propriétés locales dans une région d'intérêt extraite de l'image. Dans ce sens, la configuration fréquemment utilisée d'extraction de données spatio-fréquentielles à partir des textures est générée suite à la convolution de la région d'intérêt avec une banque de filtres [66] où chacun se retrouvera centré sur une fréquence et une orientation dans le but de couvrir parfaitement l'intégralité du domaine fréquentiel [67]. Par conséquent, chaque pixel de l'image effectuera une réponse à chaque filtre.

Durant le processus de la classification, nous analysons l'éventuelle relation existante entre les réponses données par les filtres de Gabor relatives à chacune des régions d'intérêt.

Nous exposons sur la figure VI.11, l'application des filtres de Gabor sur une tumeur où les sorties seront utilisées pour l'extraction des descripteurs.

Les paramètres pertinents du filtre de Gabor sont la fréquence radiale ainsi que l'orientation. Ils définissent la localisation du canal dans le plan fréquentiel. En effet, chaque image de taille  $N * N$  aura des fréquences significatives dans l'intervalle  $[0..N/4]$  et à la puissance 2.

Nous avons appliqué une banque des filtres de Gabor avec une taille de 39 x 39 selon 5 fréquences et 8 orientations. La figure VI.11 l'atteste :

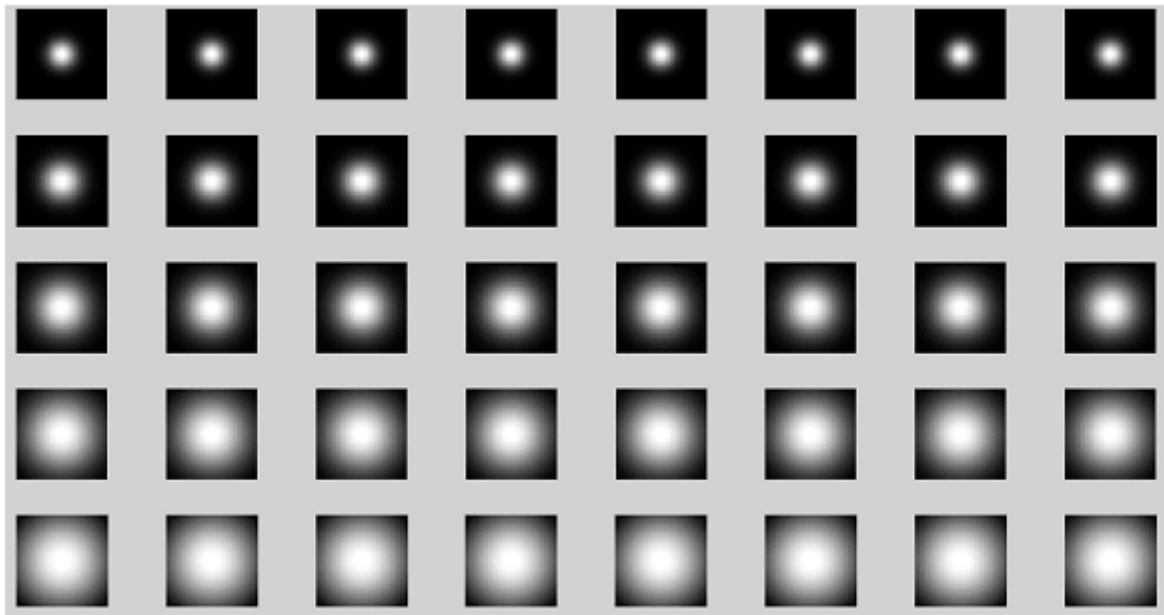


Figure IV.11 – Différents filtres de Gabor utilisés dans le domaine fréquentiel.

Suite à l'utilisation d'un ensemble riche en variation de filtres de Gabor, ceci permettra une couverture plus étendue de l'espace fréquentiel en détectant davantage d'orientations, et aboutir donc à l'extraction de tous les contours des régions d'intérêt. La figure VI.12, démontre la partie réelle de ces filtres.

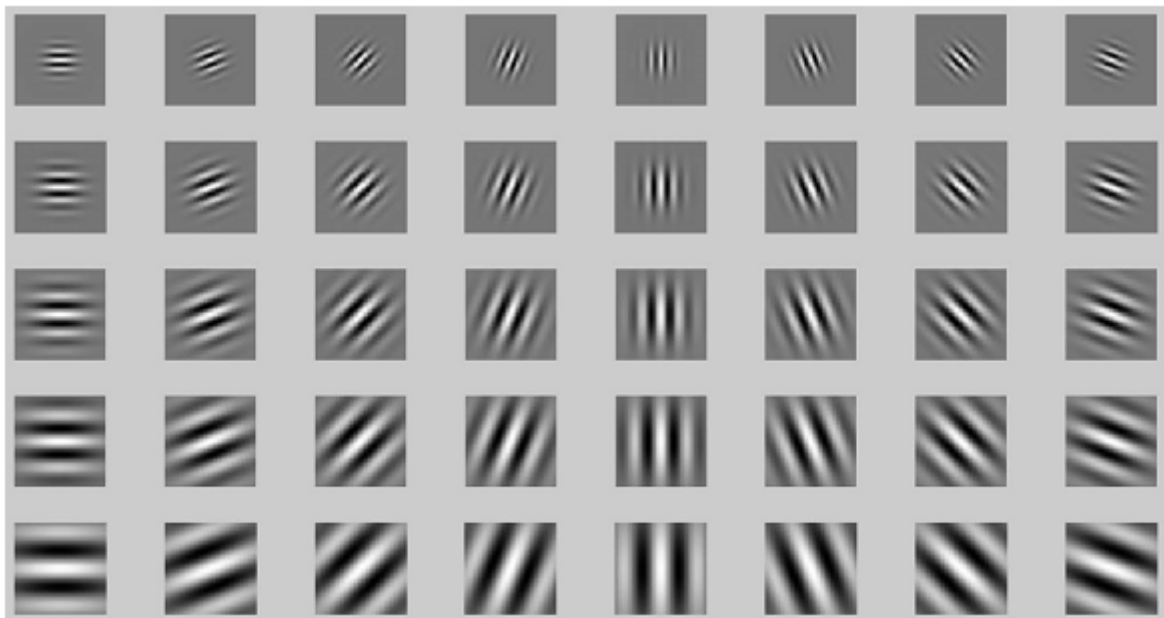


Figure IV.12 – Parties réelles des filtres de Gabor utilisés.

Nous allons démontrer sur la figure VI.13, la partie réelle des régions d'intérêt filtrées :

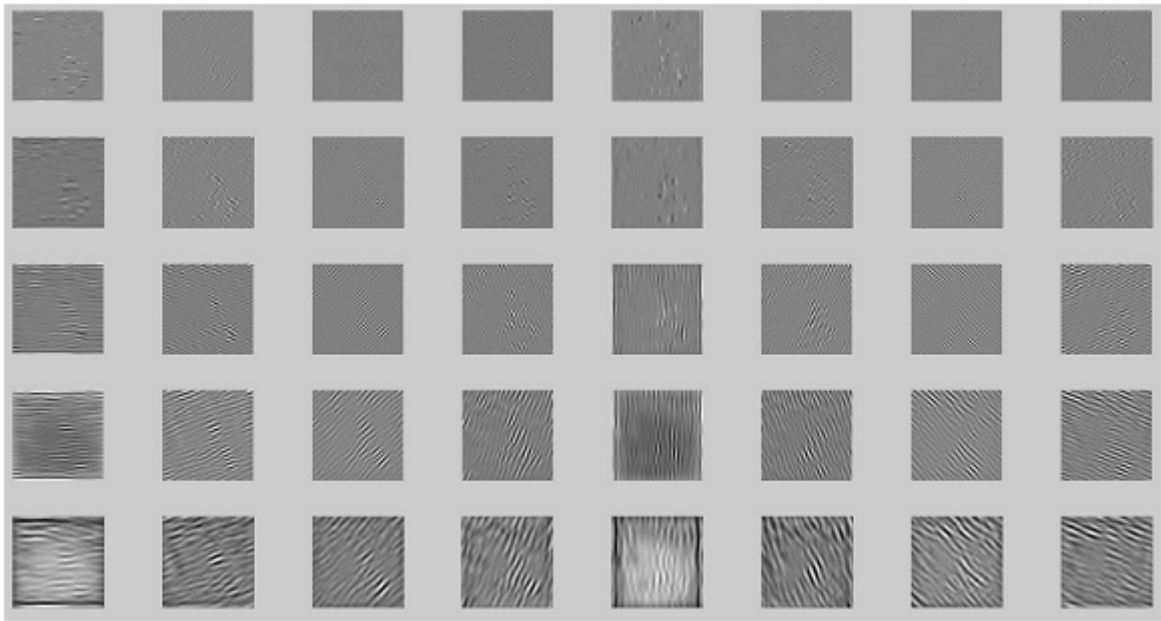


Figure IV.13 – Parties réelles des régions d'intérêt filtrées.

A ce stade, nous allons exposer sur la figure VI.14, la magnitude de la réponse des régions d'intérêt filtrées.

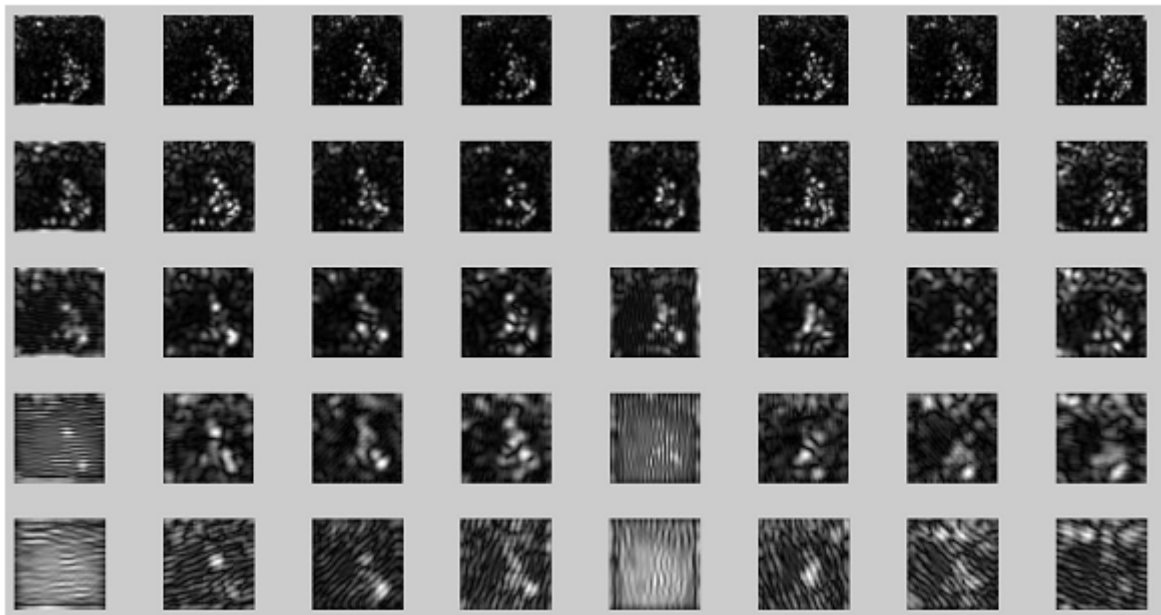


Figure IV.14 – Magnitude de la réponse du filtre de Gabor suite à la convolution de la tumeur maligne avec une banque de filtres de Gabor.

Pour toutes les sorties du filtre, un calcul de statistiques locales est effectué et le vecteur de descripteurs texturaux est obtenu par combinaison de ces statistiques comme mentionné dans

[69].

Processus d'apprentissage automatique basé SVM

Durant cette phase, les descripteurs extraits suite à l'analyse des régions d'intérêt par les lois puissance ainsi que les filtres de Gabor seront introduits dans l'algorithme des SVM pour évaluer la puissance de discrimination de ces descripteurs [61]. En effet, cet algorithme est le plus fréquemment utilisé pour la classification des tumeurs mammaires [25, 2] vu que cet algorithme offre une bonne capacité et élimine le overfitting avec moins de complexité de calcul.

Lorsque l'algorithme des SVM finalise son optimisation, le modèle prédéfini d'apprentissage automatique sera dirigé au test. En effet, l'ultime but est de tester la généralisabilité du modèle à travers des instances de données non utilisées dans la phase d'apprentissage. Cette validation est effectuée au biais d'un ensemble de données étiquetées des observations de test, passant à travers les mêmes étapes que celles mentionnées dans le processus d'apprentissage [64]. Il est utile de mentionner que la performance prédictive du modèle défini est calculée par rapport à la puissance de généralisation mesurée au-delà de cet ensemble. En effet, ceci génèrera une mesure d'estimation des performances du classifieur [70].

L'importance de la généralisabilité mettra fin à la possibilité du overfitting, c'est-à-dire lorsque les paramètres  $q$  produisent une fonction  $f$  qui est très précise pour les données d'apprentissage mais qui ne se généralise pas bien aux données de test. De nombreuses tâches de classification d'images médicales nécessitent souvent la prise en compte de plusieurs classes.

## 5 Schématisations de l'approche proposée

Nous présentons sur la figure VI.15 une schématisation du pipeline d'intégration du Deep Learning pour la segmentation des tumeurs mammaires en vue d'un pronostic automatique de cancer de sein.

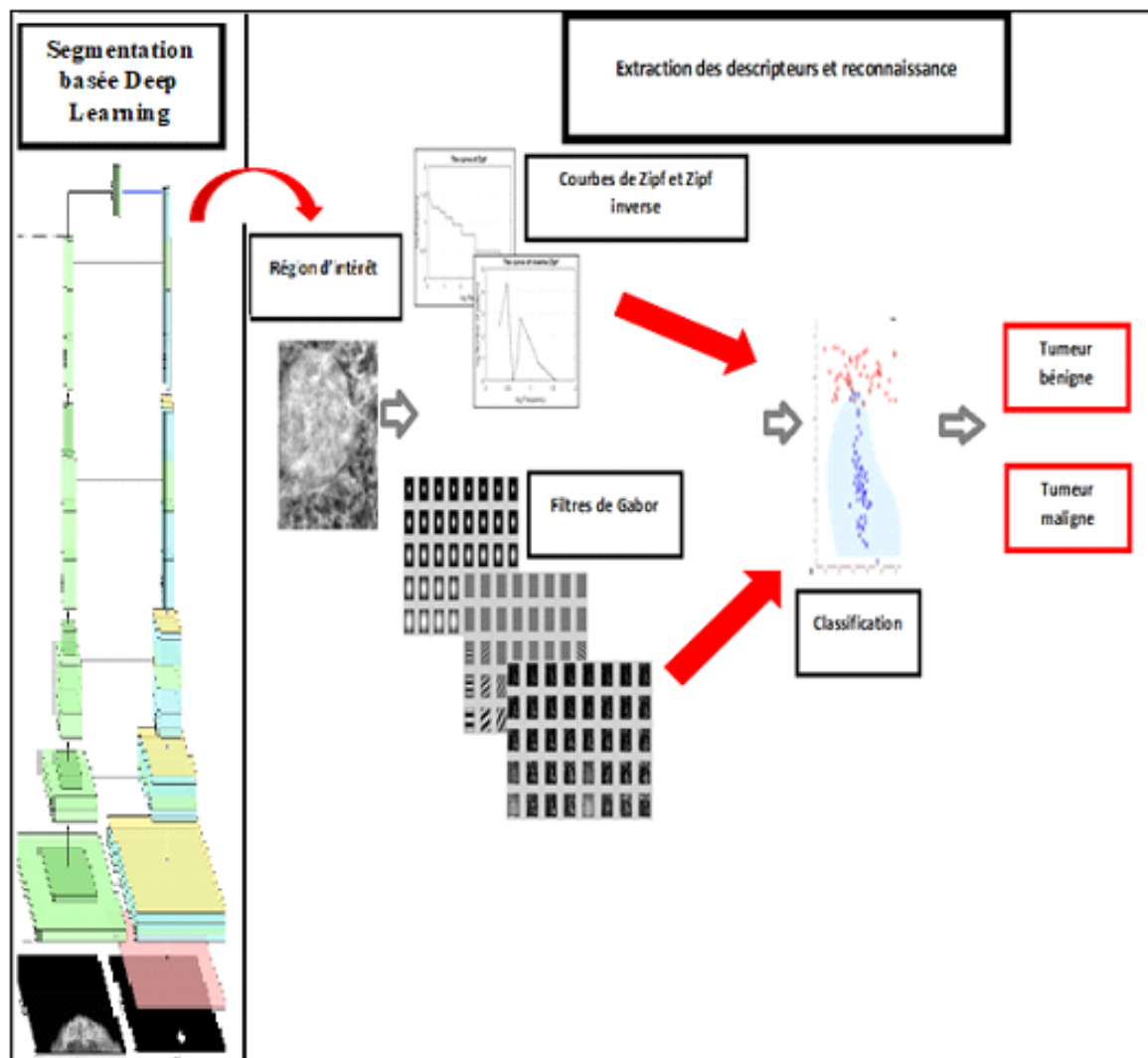


Figure IV.15 – Aperçu schématique de l'intégration du Deep Learning pour la segmentation des tumeurs mammaires en vue d'un pronostic automatique de cancer de sein.

## 6 Evaluation de l'approche proposée de pronostic automatique de cancer de sein

### 6.1 Environnement de développement

Nous avons implémenté notre approche sur un ordinateur SONY sous le système d'exploitation Windows 10. Processeur Intel(R) Core (TM) i5-4200U CPU. Fréquence : 1,6 GHz. Mémoire installée (RAM) : 16 Go et la version premium : 64 bits.

## 6.2 Outils utilisés

### MATLAB (MATrix LABoratory)

Est un environnement puissant, complet et facile à utiliser destiné au calcul scientifique. En effet, les utilisations de MATLAB incluent les calculs matriciels, le développement et l'exécution d'algorithmes, la création d'interfaces utilisateur (UI) et la visualisation de données. L'environnement de calcul numérique multi-paradigme permet aux développeurs de s'interfacer avec des programmes développés dans différents langages, ce qui permet d'exploiter les atouts uniques de chaque langage à des fins diverses.

Mentionnons que les ingénieurs et les scientifiques utilise MATLAB à travers divers domaines comme le traitement d'image et le traitement du signal, les systèmes de contrôle dédiés à l'industrie, la conception de réseaux intelligents, la robotique ainsi que la finance informatique.

Nous avons utilisé MATLAB pour plot des courbes de Zipf, Zipf inverse et different figure de gabor.

### Python

Python consiste en un langage de programmation interprété, orienté objet et de haut niveau doté d'une sémantique dynamique. Ses structures de données intégrées et de haut niveau, combinées au typage dynamique ainsi qu'à la liaison dynamique, l'ont rendu hyper attractif durant le développement rapide d'applications, ainsi que pour une utilisation comme langage de script pour connecter des composants entre eux.

Citons qu'Il est évident d'implémenter sous Python en accédant à des bibliothèques de haute qualité. En effet, il est omniprésent dans le domaine de l'intelligence artificielle et de l'apprentissage automatique. Pandas, image-Net, pascal et mlxtend prennent en charge Python et sont disponibles pour de plusieurs systèmes d'exploitation.

Il y a plusieurs versions de Python 2 ou Python 3 Nous avons utilisé la dernière version de Python 3.9.6.

### 6.3 Logiciel

#### Kaggle

Kaggle est une plateforme web contient de nombreuses dataset, codes, cours et compétitions en domaine de science des données.

Lorsque vous créez un compte sur Kaggle, vous obtenez :

- Espace de chargement illimité pour dataset avec vitesse de téléchargement par chargement de fichier zip.
- Le caractère de **save version** permet :
  - (a) Exécuter le code sans connexion internet et envoyer une notification à votre gmail quand il est terminé.
  - (b) save output.
- Exécuter le code avec gpu Quota à 30-45 heures par semaine.

Nous avons choisi Kaggle, ce qui fait que l'avantage qu'il contient, qui est l'exécution par lots, limite le temps de correction de l'erreur qui peut survenir lors de l'exécution.

#### TensorFlow

TensorFlow est une bibliothèque Python open source, créée et publiée par Google. qui rend DL et ML plus rapides et plus faciles. TensorFlow peut entraîner et exploiter des réseaux neuronaux profonds pour la reconnaissance d'images ...etc.

#### Keras

TensorFlow est une bibliothèque Python open source, créée par Francois Chollet. Il agit comme une interface pour la bibliothèque TensorFlow. Nous incluons également notre modèle CNN(Vgg, U-net).

#### Open CV(Open Computer Vision)

Est une bibliothèque graphique libre. Elle est spécialisée dans le traitement d'images, Nous utilisons cet algorithme pour lire et traiter(resize et save) l'image.

SK learn

Scikit-learn est une bibliothèque Python, il utilise en les algorithmes de l'apprentissage automatique comme régression, clustering, y compris et SVM.

#### 6.4 Evaluation des performances de l'approche proposées de pronostic automatique de cancer de sein

Il demeure difficile de comparer les approches contribuées dans la santé numérique en raison de plusieurs lacunes. En effet, les bases de données que les chercheurs utilisent sont différentes et beaucoup d'entre elles font partie d'un projet hospitalier entre l'université et un hôpital. De plus, les échantillons d'images dédiés à l'évaluation sont toujours différents. Sans oublier le point du réglage des paramètres variant d'une approche à l'autre. Tous ces points génèrent une difficulté pour une comparaison équitable des différentes approches.

Dans le domaine de la santé numérique et durant l'évaluation de la progression d'une maladie, les données sont généralement en un nombre très limité. En effet, nous disposons que d'un nombre restreint d'informations pronostiques relatives aux patients. Dans ce sens, la validation croisée semble le remède le plus adéquat où l'enjeu majeure désigne la division des échantillons de données en  $n$  (défini préalablement) plus disjonctifs. Ensuite, durant l'apprentissage à partir des  $n$  itérations,  $n - 1$  plus seront utilisés, évidemment, le dernier est dédié aux tests.

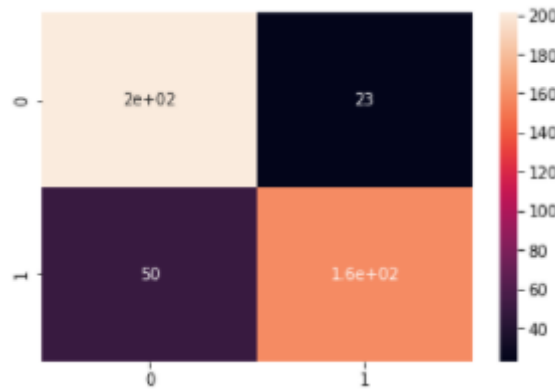
Notons que les performances du classifieur consisteront en la valeur moyenne des performances acquises durant chaque étape d'itération. Il est crucial d'utiliser une proportion égale de classes relative à chaque pli.

Nous avons utilisé l'intégralité des régions d'intérêt segmentées à partir de la base DDSM durant le processus de classification en : tumeur bénigne ou tumeur maligne pour démontrer la puissance de discrimination du vecteur descripteur entre les tissus pathologiques d'un tissu bénin.

Les données de test ainsi que d'apprentissage sont divisées selon le rapport de division standard 80:20 [71] et une métrique d'évaluation est ensuite utilisée pour évaluer l'exactitude du

modèle sur la base des véritables étiquettes des données de test. Les paramètres d'évaluation populaires pour la classification sont basés sur la matrice de confusion comme suit [70] :

		Predicted	
		Positive	Negative
Actual	Positive	TP	FN
	Negative	FP	TN



```
[[201 23]
 [ 50 158]]
```

	precision	recall	f1-score	support
0	0.80	0.90	0.85	224
1	0.87	0.76	0.81	208
accuracy			0.83	432
macro avg	0.84	0.83	0.83	432
weighted avg	0.84	0.83	0.83	432

Figure IV.16 – Matrice de confusion de notre SVM model.

Où « Accuracy » est la mesure la plus utilisée pour l'évaluation d'un modèle [70], désignant la proportion du nombre total de prédictions qui étaient correctes : TP et TN présentent le nombre d'instances positives et négatives correctement classées alors que FN et FP représentent le nombre d'erreurs de classification des valeurs positives et négatives. Avec :

Precision : est la fraction des résultats pertinents.

Recall : est la fraction de tous les résultats pertinents qui ont été correctement classés.

F1-score : est la moyenne harmonique entre la précision et le rappel qui varie entre 0(terrible) et 1(perfection).

Quant au tableau VI.1, il expose la comparaison des résultats obtenus avec diverse approches de l'état de l'art :

Référence	mammo-graphies utilisée	Technique d'apprentissage Automatique	Descripteurs	Evaluation Base des résultats
[72]	Mini-MIAS	KNN	Curvelet	Acc = 91.27%
[73]	DDSM	SVM	Gabor+PCA	Acc = 84%
[74]	DDSM	SVM	HOG+DSIFT+LCP	Acc = 84%
[75]	DDSM	Multi-layer Perceptron (MLP)	Zernike	Acc = 82.95%
[76]	DDSM	SVM	MLPK	Acc = 86%
[77]	DDSM	BPNN	WGLCM	Acc = 88.33%
[55]	DDSM	Discrimination Potentiality	DP-HOT	Acc = 82.56%
[55]	DDSM	Discrimination Potentiality	DP-PB-DCT	Acc = 84.84%
[73]	DDSM	SVM	Gabor+PCA	Acc = 78%
[74]	DDSM	SVM	HOG+DSIFT+LCP	Acc = 78%
[75]	DDSM	(DT, SVM, KNN)	Descripteurs de contours de la tumeur	Acc = 72%
[77]	DDSM	BPNN	WGLCM	Acc = 55.09%
[78]	DDSM	KNN	Transformée de Hough	Acc = 65%
[79]	DDSM	ANN	SGLD	Acc = 71%
[80]	DDSM	KNN	GLCM	Acc = 79%
[81]	DDSM	SVM	Wavelet	Acc = 73%
[82]	DDSM	SVM	texture + géométrie	Acc = 94%
[55]	DDSM	Discrimination Potentiality	DP-PB-DCT	Acc = 72.43%

[83]	DDSM	LDA	Descripteurs statistiques	Acc = 78.57%
[83]	DDSM	QDA	Descripteurs statistiques	Acc = 76.19%
[84]	DDSM	SVM	Gabor wavelet	Acc = 78.26%
Approche proposée (Segmentation basée Deep Learning)	DDSM	SVM	Zipf+Zipf inverse+gabor	Acc = 83%
			Zipf+Zipf inverse	Acc = 77%
			Zipf+Zipf inverse+Gabor+PCA	Acc = 69%
		ANN	Zipf+Zipf inverse+Gabor	Acc = 60%
[85] (Segmentation manuelle des tumeurs)	DDSM	SVM	Zipf+Zipf inverse+gabor	Acc = 80%

Table IV.1 : Comparaison de l'approche proposée vis-à-vis des approches de l'état de l'art pour le pronostic automatique de cancer de sein

Nous avons réalisé diverses itérations répétitives durant la phase d'apprentissage et de test avec différents hyperparamètres (liés à la complexité du modèle : pour le RBF kernel des SVM avec des valeurs variées de  $C=1000$ ,  $\gamma = 0,01$  par exemple); où l'ultime but était d'aboutir à la complexité optimale pour un algorithme et un ensemble de données donnés.

## 7 Fonctionnement du système développé

Après le lancement de l'application, l'utilisateur pourra se connecter à travers l'interface « Login » en introduisant son nom d'utilisateur et son mot de passe.

Nom d'utilisateur (administrateur) par default : MLCBIS

Mot de passe : master2021

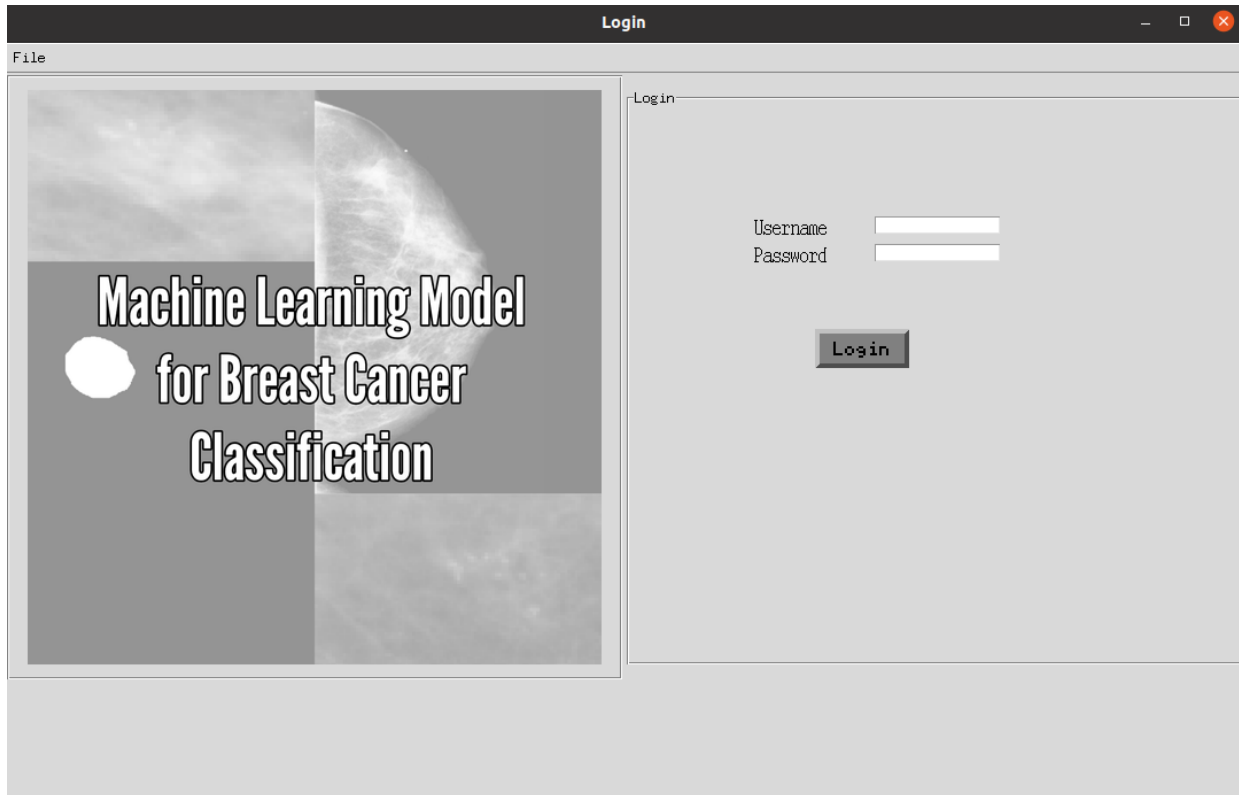


Figure IV.17 – Interface login du système mmo-classification.

Donc l'utilisateur accède à l'interface suivant :

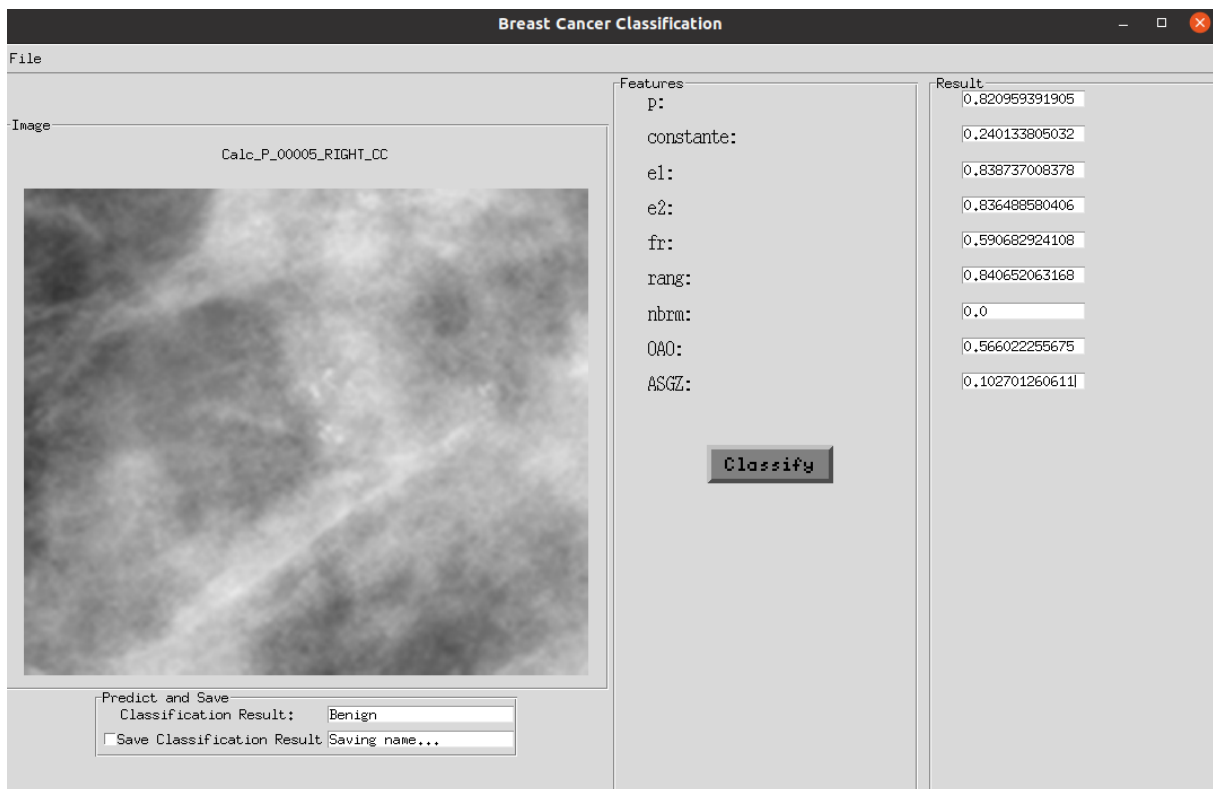


Figure IV.18 – Interface principale du système mmo-classification. Avec affichage de résultat de SVM model.

En cliquant sur Le Bouton "File" dans le menu principal, il vous donne la main pour parcourir les fichiers du système pour choisir la mammographie à traiter.

- L'image de la tumeur apparait à l'écran.
- Cliquez sur le Bouton "Classify".

Après avoir cliqué sur ce bouton :

- Le résultat de la classification (bengnine / maligne) apparait sous l'image.
- Les valeurs de caractéristiques apparaissent dans leurs champs.

## 8 Explication du code

Nous avons inclus des commentaires dans les codes à des fins de clarification

Pour obtenir le code complète de Pretraitement dataset [appuyez ici](#).

```
def cropBorders(img, l=0.01, r=0.01, u=0.04, d=0.04):
    nrows, ncols = img.shape
    # Get the start and end rows and columns
    l_crop = int(ncols * l)
    r_crop = int(ncols * (1 - r))
    u_crop = int(nrows * u)
    d_crop = int(nrows * (1 - d))
    cropped_img = img[u_crop:d_crop, l_crop:r_crop]
    return cropped_img
def minMaxNormalise(img):
    norm_img = (img - img.min()) / (img.max() - img.min())
    return norm_img
def globalBinarise(logger, img, thresh, maxval):
    binarised_img = np.zeros(img.shape, np.uint8)
    binarised_img[img >= thresh] = maxval
    return binarised_img
def editMask(logger, mask, ksize=(23, 23), operation="open"):
    kernel = cv2.getStructuringElement(shape=cv2.MORPH_RECT, ksize=ksize)
    if operation == "open":
        edited_mask = cv2.morphologyEx(mask, cv2.MORPH_OPEN, kernel)
    elif operation == "close":
        edited_mask = cv2.morphologyEx(mask, cv2.MORPH_CLOSE, kernel)
    # Then dilate
    edited_mask = cv2.morphologyEx(edited_mask, cv2.MORPH_DILATE, kernel)
    return edited_mask
def sortContoursByArea(logger, contours, reverse=True):
    # Sort contours based on contour area.
    sorted_contours = sorted(contours, key=cv2.contourArea, reverse=reverse)
    # Construct the list of corresponding bounding boxes.
    bounding_boxes = [cv2.boundingRect(c) for c in sorted_contours]
    return sorted_contours, bounding_boxes
def xLargestBlobs(logger, mask, top_x=None, reverse=True):
    # Find all contours from binarised image.
    # Note: parts of the image that you want to get should be white.
    contours, hierarchy = cv2.findContours(
        image=mask, mode=cv2.RETR_EXTERNAL, method=cv2.CHAIN_APPROX_NONE
    )
    n_contours = len(contours)
    # Only get largest blob if there is at least 1 contour.
    if n_contours > 0:
```

Figure IV.19 – Pretraitement dataset

Pour obtenir le code complète de segmentation model [appuyez ici](#)

```
def train(self):
    # Create train and test datasets.
    train_ds = self.makeTFDataset(
        shuffle=False,
        augment=False,
        x_paths_list=train_x,
        y_paths_list=train_y,
        batch_size=self.batch_size,
    )

    if self.validate:
        test_ds = self.makeTFDataset(
            shuffle=False,
            augment=False,
            x_paths_list=test_x,
            y_paths_list=test_y,
            batch_size=self.batch_size,
        )

    # Build model
    unet = self.buildUnet(dropout_training=self.dropout_training)
    unet = self.compile(model=unet) # Compile
    ckpt_callback = keras.callbacks.ModelCheckpoint( # Callbacks
        filepath=ckpt_path,
        monitor=self.callback_monitor,
        mode=self.callback_mode,
        save_weights_only=self.ckpt_save_weights_only,
        save_best_only=self.ckpt_save_best_only,
        verbose=1,
    )
    saved_model_path = os.path.join(saved_model_folder, model_time)
    unet.save(saved_model_path) # Save model
    unet = unetVgg16() # Instantiate custom unet model class.
    unet.train() # Train the model.
    # Load pre-trained weights from desired checkpoint file.
    latest = tf.train.latest_checkpoint(ckpt_path)
    print(latest)
    unet.load_weights(filepath=latest)
    predicted_outputs = unet.predict(x=img, batch_size=1) # Predict
```

Figure IV.20 – Segmentation model

```
import imutils
from glob import glob

def crop_imgs(set_img, set_mask, add_pixels_value=0, folder_name = 'cropping/'):
    set_new = []
    for img, mask_name in zip(set_img, set_mask):
        image = cv2.imread(img)
        mask = cv2.imread(mask_name) #Lire image
        gray = cv2.cvtColor(mask, cv2.COLOR_RGB2GRAY) #Assurez-vous que Le type de image est niveau de gris
        gray = cv2.GaussianBlur(gray, (5, 5), 0)
        #seuiller l'image, puis effectuer une série d'érosions +
        #dilatations pour éliminer les petites zones de bruit
        thresh = cv2.threshold(gray, 45, 255, cv2.THRESH_BINARY)[1]
        thresh = cv2.erode(thresh, None, iterations=2)
        thresh = cv2.dilate(thresh, None, iterations=2)
        #trouver des contours dans l'image seuillée, puis saisir le plus grand
        cnts = cv2.findContours(thresh.copy(), cv2.RETR_EXTERNAL, cv2.CHAIN_APPROX_SIMPLE)
        cnts = imutils.grab_contours(cnts)
        c = max(cnts, key=cv2.contourArea)
        #trouver les points extrême
        extLeft = tuple(c[c[:, :, 0].argmin()][0])
        extRight = tuple(c[c[:, :, 0].argmax()][0])
        extTop = tuple(c[c[:, :, 1].argmin()][0])
        extBot = tuple(c[c[:, :, 1].argmax()][0])
        ADD_PIXELS = add_pixels_value
        #cropping image
        new_img = image[extTop[1]-ADD_PIXELS:extBot[1]+ADD_PIXELS, extLeft[0]-ADD_PIXELS:extRight[0]+ADD_PIXELS].copy()
        name = os.path.split(mask_name)
        cv2.imwrite(folder_name+name[1], new_img) #save cropping image
        print(name[1])

images_path = "Train_FULL/*.png"
images = sorted(glob(images_path))

masks_path = "Train_MASK/*.png"
masks = sorted(glob(masks_path))

images_crop = crop_imgs(set_img=images, set_mask = masks)
save_new_images(images_crop, masks, folder_name = 'cropping/')
```

Figure IV.21 – Post-traitement(cropping) images

Pour obtenir le code complète de Extracter feateurs [appuyez ici](#)

```
def main():

    #args = get_args()
    path_out = 'result'
    path='C:\\Users\\sony\\Desktop\\good_crop'
    if not os.path.exists(path_out):
        os.mkdir(path_out)

    images_path = os.path.join(path)

    df = pd.read_csv(os.path.join(path_out,'annotation02.csv'))

    kernels = gabor_kernels(5,8,39,39)

    data = []

    for row in tqdm(df['img'].values):

        img = np.array(Image.open(os.path.join(images_path,row)).convert('L'))

        features = process_image(img, kernels)

        data.append(features)

    np_data = np.concatenate(data)

    feature_df = pd.DataFrame(data)

    final_df = pd.concat([df,feature_df],axis=1)

    final_df.to_csv(os.path.join(path_out,'good110-02.csv'),index=False)

if __name__ == '__main__':

    main()
```

Figure IV.22 – Extracter feateurs

```
import pandas as pd
import numpy as np
from sklearn.svm import SVC
from sklearn.metrics import classification_report, confusion_matrix
import matplotlib.pyplot as plt
%matplotlib inline
from sklearn.model_selection import GridSearchCV, train_test_split
from sklearn import model_selection

path = "C:\\Users\\sony\\Desktop\\gobbi asma\\result\\Wgood110.csv"
df = pd.read_csv(path) #lire dataset
X = df.drop(['index', 'img', 'target'], axis=1) #preparation dataset
y = df['target']

param_grid = {'C': [0.1, 1, 10, 100, 150], 'gamma': [1, 0.1, 0.01, 0.001], 'kernel': ['rbf', 'poly', 'sigmoid', 'linear']}
grid = GridSearchCV(SVC(), param_grid, refit=True, verbose=2)

X_train, X_test, y_train, y_test = model_selection.train_test_split(X, y, test_size = 0.10) #split
grid.fit(X_train, y_train) #training

grid_predictions = grid.predict(X_test)
cm = confusion_matrix(y_test, grid_predictions)
print(cm) #afficher confusion matrix
import seaborn as sns
sns.heatmap(cm, annot=True)
print(classification_report(y_test, grid_predictions)) #plot confusion matrix

import pickle
filename = 'good01.sav'
pickle.dump(grid, open(filename, 'wb')) #save model |
```

Figure IV.23 – SVM model

## 9 Conclusion

Nous avons évoqué en détails l'approche proposée de pronostic automatique de cancer de sein ainsi que la validation des résultats obtenus. Dans ce sens, la comparaison de la performance de notre approche avec les performances de l'état de l'art n'était pas évidents dû à plusieurs facteurs : utilisation de diverses bases de données de mammographie spécialement en ce qui concerne les projets hospitaliers, la différence du nombre de mammographies utilisées que ce soit pour l'apprentissage ou le test et beaucoup d'autres lacunes.

# Conclusion générale

Le domaine de l'intelligence artificielle s'intéresse à la théorie et mise en œuvre de systèmes informatiques capables d'exécuter des tâches qui nécessitent généralement une intelligence humaine. Il repose sur l'intersection de plusieurs disciplines telles que l'informatique, l'ingénierie, les mathématiques, les statistiques, la psychologie et la neurosciences. L'apprentissage automatique et profond sont des domaines de l'intelligence artificielle qui ont émergé dans le cadre de la quête permanente pour la construction de machines intelligentes capables d'apprendre. Dans ce sens, la santé numérique a bénéficié de cette révolution. Il a été démontré que la précision du diagnostic augmente considérablement lorsque le radiologue interprète les mammographies en parallèle avec les CAD [86].

La segmentation des tumeurs présente l'étape clé du pronostic automatique de cancer de sein. Dans ce sens, nous avons implémenté l'algorithme VGG U-Net pour sa puissance et particularité de segmentation lorsque les lésions mammaires s'intègrent dans les tissus denses ou sur les muscles pectoraux. En effet, une segmentation manuelle (hand-craft) où les radiologues expriment une difficulté majeure à détecter ces tumeurs, génèrera un grand nombre de faux positifs et conduira à la diminution des performances de classification des tumeurs mammaire durant le diagnostic final.

La caractérisation texturale des motifs des tumeurs était selon diverses fréquences et orientations pour le processus de classification. En effet, les réponses des régions d'intérêt aux filtres de Gabor étaient fusionnées avec les descripteurs issus de l'analyse des régions d'intérêt par les lois de Zipf et de Zipf inverse.

A partir des résultats très satisfaisant obtenus, nous pouvons tirer une variante sur le fait que les médecins et les scientifiques devraient rechercher les meilleurs moyens de fournir de meilleurs soins aux patients par l'utilisation de l'aide des algorithmes de l'apprentissage automatique et

profond. En effet, la structure du modèle d'apprentissage profond nécessite des connaissances riches ; par conséquent, la recherche de réseau neuronal remplacera probablement la conception manuelle [2].

Le pronostic automatique de cancer de sein prend le dessus et se révolte dans le domaine de diagnostic basé apprentissage automatique et profond. Néanmoins, divers défis doivent être surmontés pour débloquer leur potentiel maximal. Citons :

- Le manque d'ensembles de base de données médicales complètes et présentant un défi majeur dans la conception de modèles d'apprentissage profond. En effet, ce type d'apprentissage nécessite d'énormes données d'apprentissage et ses performances dépendent dans une large mesure de la taille et la qualité de l'ensemble de données. Voir plus, la création de données d'imagerie médicale volumineuses est difficile car annoter les données demande beaucoup de temps et d'effort.
- Les images médicales ont en général des tailles de fichiers plus grandes que les images naturelles, ce qui empêche de les charger entièrement dans la mémoire pour traitement. En tant que tels, ils doivent être traités sous forme de patches ou de sous-volumes, ce qui rend difficile que les modèles de segmentation capturent les relations spatiales afin d'effectuer des segmentations. Par conséquent, une direction de recherche intéressante et potentiellement très utile serait de proposer des architectures et des méthodes d'apprentissage qui peuvent intégrer les relations spatiales à partir d'images médicales de grande taille et de volumes dans les modèles. En effet, les CNN profonds réussissent à extraire les caractéristiques de différentes classes d'objets, mais ils perdent l'information spatiale locale de l'endroit où les contours d'un objet devraient être.
- Donner l'accès aux bases de données médicales qui est généralement difficile en raison de problèmes de confidentialité. Par conséquent, le partage des données collectées entre les groupes de chercheurs sera compliqué en vue de comparaison des méthodologies développées et les résultats aboutis.

Nous en sommes donc venus à une dernière question : l'intelligence artificielle avec ses branches d'apprentissage automatique et profond pourront-elles être utilisé pour prédire l'avenir? en effet, sans aucun doute, l'apprentissage automatique et surtout l'apprentissage profond peut faire la lumière sur des problèmes scientifiques difficiles et complexes allant de la prédic-

tion des issues de maladies rares et la détection de biomarqueurs à la prévision des catastrophes environnementales et des percées économiques.

# Bibliographie

- [1] Ghulam Murtaza, Liyana Shuib, Ainuddin Wahid Abdul Wahab, Ghulam Mujtaba, Ghulam Mujtaba, Henry Friday Nweke, Mohammed Ali Al-garadi, Fariha Zulfiqar, Ghulam Raza,& Nor Aniza Azmi. (2019). Deep learning-based breast cancer classification through medical imaging modalities : state of the art and research challenges. *Revue Artificial Intelligence*, 53.
  
- [2] Muralikrishna Puttagunta,& S. Ravi. (2021). Medical image analysis based on deep learning approach. *Revue Multimedia Tools and Applications*, 80.
  
- [3] Nicholas Cummins, Adria Mallol-Ragolta, Björn Schuller,& Zhao Ren. (2020). *Artificial Intelligence in Precision Health : Machine learning in digital health, recent trends, and ongoing challenges*. *Revue ELSEVIER*, 121-148.
  
- [4] S. Prasath Alias Surendhar,& R. Vasuki. (2021). Breast cancers detection using deep learning algorithm. *Revue Materials Today : Proceedings*, 46.
  
- [5] Khaoula Belhaj Soulami, Naima Kaabouch, Mohamed Nabil Saidi,& Ahmed Tamtaoui. (2021). *Biomedical Signal Processing and Control*. 66.
  
- [6] Jun Bai, Russell Posner, Tianyu Wang, Clifford Yang,& Sheida Nabavi. (2021). Applying deep learning in digital breast tomosynthesis for automatic breast cancer detection : A review. *Revue Medical Image Analysis*, 71.

- [7] Dina Abdelhafiz, Jinbo Bi<sup>1</sup>, Reda Ammar, Clifford Yang,& Sheida Nabavi. (2020). Convolutional neural network for automated mass segmentation in mammography. *Revue BMC Bioinformatics*, 21(192).
- [8] Jonathan Courtois,& Florent Renault, Introduction à la vision par ordinateur sous la direction de Jean-yves Ramel, Parcours Ingénieur Polytech Mini-projets, Ecole Polytechnique de l'Université de Tours, 2005.
- [9] Philippe Bolon, Jean-Marc Chassery, Jean-Pierre Cocquerez, Didier Demigny, Christine Graffigne,& al. (2017). Analyse d'images : Filtrage et segmentation. Jean-Pierre Cocquerez, Sylvie Philipp. MASSON, 1995, Enseignement de la physique.
- [10] RAMLA Intissar,& ZAIR Asmae Mama, DETECTION DES LESIONS DE L'ABDOMEN ET RECONSTRUCTION TRIDIMENSIONNELLE sous la direction de Feroui Amel, MASTER en GENIE BIOMEDICAL, Université Abou Bakr Belkaïd de Tlemcen, 2016.
- [11] HAMOUD Meriem, Indexation et segmentation d'images basées loi de Zipf et Zipf inverse sous la direction de Hayet Farida MEROUANI, Doctorat en Informatique, Université BADJI MOKHTAR-ANNABA, 2015.
- [12] Jinjin Hai, Hongna Tan, Jian Chen, Minghui Wu, Kai Qiao, Jingbo Xu, Lei Zeng, Fei Gao, Dapeng Shi,& Bin Yan. (2018). Multi-level features combined end-to-end learning for automated pathological grading of breast cancer on digital mammograms. *Revue Computerized Medical Imaging and Graphics*, 71(58-66).
- [13] Tachour Chabha,& Zobiri Assia, Segmentation D'Images Texturées Par Filtrage De Gabor : Application Aux Images Médicales sous la direction de D. ARAB, MASTER en Génie Electrique et d'Informatique, Université Mouloud MAM-

MERI Tizi-Ouzou, 2012.

- [14] Maroua Mehri, Mohamed Mhiri, Petra Gomez-Krämer, Pierre Héroux, Mohamed Ali Mahjoub, & al. (2014). Étude comparative de trois ensembles de descripteurs de texture pour la segmentation de documents anciens. Actes du treizième Colloque International Francophone sur l'Écrit et le Document, Nancy, France. (41-56).
- [15] Haralick R. M., Shanmugam K., & Dinstein I. (1973). Textural features for image classification. *Revue SMC*, 3(6), 610-621.
- [16] Hedjaz HEZIL, Identification de personnes par signature manuscrite, Doctorat 3ème Cycle en LMD , 2018.
- [17] J. Zhang, M. Marszalek, S. Lazebnik, & C. Schmid. (2007). Local features and kernels for classification of texture and object categories : comprehensive study. *Revue Computer Vision (Springer)*, 73(2), 213-238.
- [18] G.K. Zipf, *Human Behavior and the Principle of Least Effort*. Addison-Wesley, New York, 1949.
- [19] Caron Y., Makris P., & Vincent N.. (2007). Use of power law models in detecting region of interest. *Revue Pattern Recognition*, 40(9), 2521–2529.
- [20] Meriem Hamoud, Hayet Farida Merouani, & Lakhder Laimeche. (2014). The power laws : Zipf and inverse Zipf for automated segmentation and classification of masses within mammograms. *Revue Evolving Systems*, 6(3), 209-227.
- [21] Yves CARON, Contribution de la loi de Zipf à l'analyse d'images sous la direction de Nicole VINCENT, GRADE DE DOCTEUR DE L'UNIVERSITE DE TOURS en Informatique, Université François Rabelais de Tours Ecole Doctorale.

2004.

- [22] S. Leena Nesamani, S. Nirmala Sugirtha Rajini, M. S. Josphine,& J. Jacinth Salome. (2021). Deep Learning-Based Mammogram Classification for Breast Cancer Diagnosis Using Multi-level Support Vector Machine. *Revue Advances in Automation, Signal Processing, Instrumentation, and Control, Lecture Notes in Electrical Engineering*, 371-383.
- [23] Md. ShamimHossain. (2019). Microcalcification Segmentation Using Modified U-net Segmentation Network from Mammogram Images. *Revue King Saud University - Computer and Information Sciences*, 33(5).
- [24] Debolina Mahapatra, Ratula Ray,& Satya Ranjan Dash. (2021). Deep Learning Model for Efficient Mammogram Analysis. *Revue Technical Advancements of Machine Learning in Healthcare*, 936, 223-240.
- [25] Essam H.Houssein, Marwa M.Emam, Abdelmgeid A.Ali,& Ponnuthurai NagarathnamSuganthan. (2021). Deep and machine learning techniques for medical imaging-based breast cancer : A comprehensive review. *Revue Expert Systems with Applications*, 182.
- [26] Edson Damasceno Carvalho, Antonio Oseasde, Alcilene Dalília, Aristófanés Corrêa Silva,& Marcelo Gattass. (2018). Method of differentiation of benign and malignant masses in digital mammograms using texture analysis based on phylogenetic diversity. *Revue Computers & Electrical Engineering*, 67, 210-222.
- [27] Marc Lobbes, Marjolein Smidt, Kristien Keymeulen, Rossano Girometti, Chiara Zuiani, Regina Beets-Tan, Joachim Wildberger,& Carla Boetes. (2013). Malignant lesions on mammography : accuracy of two different computer-aided detection systems. *Revue Comparative Study*, 37(2), 283-8.

- [28] Stephanie Leon, Libby Brateman, corresponding author, Janice Honeyman-Buck,& and Julia Marshall. (2008). Comparison of Two Commercial CAD Systems for Digital Mammography. *Revue Digital Imaging*, 22(4), 421–423.
- [29] Abir Smiti. (2020). When machine learning meets medical world : Current status and future challenges. *Revue Computer Science*, 37.
- [30] Jair Cervantes, Farid Garcia-Lamont, Lisbeth Rodríguez-Mazahua,& Asdrubal Lopez. (2020). A comprehensive survey on support vector machine classification : Applications, challenges and trends. *Revue Neurocomputing*, 408, 189-215.
- [31] Judith Harwitz,& Daniel Kirsh. (2018). *Machine Learning : Understand machine learning fundamentals*. IBM Limited Edition. 14-18.
- [32] Rohit Thanki,& Surekha Borra. (2019). Application of Machine Learning Algorithms for Classification and Security of Diagnostic Images. *Revue Machine Learning in Bio-Signal Analysis and Diagnostic Imaging*. 273-292
- [33] V. N. Vapnik and S. Kotz. (1982). Estimation of dependences based on empirical data. *Revue Springer Verlag New York*, 40.
- [34] LEKHALRedouane, Application des SVM pour la reconnaissance d'extrasytotes sous la direction de Z. AMIROU, Master en Génie électrique, Université Mouloud Mammeri de Tizi Ouzou. 2015.
- [35] Abdullah-Al Nahid,& Yinan Kong. (2017). Involvement of Machine Learning for Breast Cancer Image Classification : A Survey. *Revue Computational and Mathematical Methods in Medicine*, 2017.

- [36] Bichen Zheng, Sang Won Yoon, & Sarah S. Lam. (2014). Breast cancer diagnosis based on feature extraction using a hybrid of K-means and support vector machine algorithms. *Revue Expert Systems with Applications*, 41(4), 1476–1482.
- [37] Jae Young Choi. (2016). A generalized multiple classifier system for improving computer-aided classification of breast masses in mammography. *Revue Biomedical Engineering Letters*, 5(4), 251–262.
- [38] K. Vaidehi, & T.S. Subashini. (2015). Automatic Characterization of Benign and Malignant Masses in Mammography. *Revue Procedia Computer Science*, 46, 1762–1769.
- [39] Luqman Mahmood Mina, & Nor Ashidi Mat Isa. (2015). Breast abnormality detection in mammograms using Artificial Neural Network. *Revue International Conference on Computer, Communications, and Control Technology*, 258–263.
- [40] Gwenolé Quéléec, Mathieu Lamard, Michel Cozic, Gouenou Coatrieux, & Guy Cazuguel. (2016). Multiple-Instance Learning for Anomaly Detection in Digital Mammography. *Revue IEEE Transactions on Medical Imaging*, 35(7), 1604–1614.
- [41] Rahimeh Rouhi, & Mehdi Jafari. (2016). Classification of benign and malignant breast tumors based on hybrid level set segmentation. *Revue Expert Systems with Applications*, 46, 45–59.
- [42] Hela Mahersia, Hela Boulehmi, & Kamel Hamrouni. (2016). Development of intelligent systems based on Bayesian regularization network and neuro-fuzzy models for mass detection in mammograms : A comparative analysis. *Revue Computer Methods and Programs in Biomedicine*, 126, 46–62.

- [43] Amit Kamra, V K Jain, Sukhwinder Singh,& Sunil Mittal. (2016). Characterization of architectural distortion in mammograms based on texture analysis using support vector machine classifier with clinical evaluation. *Revue Digital Imaging*, 29(1), 104–114.
- [44] María Pérez, Marco E. Benalcázar, Eduardo Tusa, Wilmer Rivas,& Aura Conci. (2017). Mammogram classification using back-propagation neural networks and texture feature descriptors. *Revue Conference 2017 IEEE Second Ecuador Technical Chapters Meeting (ETCM)*, 1-6.
- [45] Mai S. Mabrouk, Heba M.Afify,& Samir Y.Marzoukc. (2019). Fully automated computer-aided diagnosis system for micro calcifications cancer based on improved mammographic image techniques. *Revue Ain Shams Engineering*, 10(3), 517–527.
- [46] Saeid Asgari Taghanaki, Kumar Abhishek, Joseph Paul Cohen, Julien Cohen-Adad,& Ghassan Hamarneh. (2021). Deep semantic segmentation of natural and medical images : a review. *Revue Artificial Intelligence*, 54, 137–178.
- [47] Dezsó Ribli, Anna Horváth, Zsuzsa Unger, Péter Pollner ,& István Csabai. (2018). Detecting and classifying lesions in mammograms with deep learning. *Revue Journal of Scientific Reports*, 8(1), 1–7.
- [48] Hiba Chougrad, Hamid Zouaki,& Omar Alheyane. (2018). Deep convolutional neural networks for breast cancer screening. *Revue Computer Methods and Programs in Biomedicine*, 157, 19–30.
- [49] Hua Li,Shasha Zhuang, Deng-ao Li, Jumin Zhao,& Yanyun Ma. (2019). Benign and malignant classification of mammogram images based on deep learning. *Revue Biomedical Signal Processing and Control*, 51, 347–354.

- [50] Dina A Ragab, Maha Sharkas, Stephen Marshall, & Jinchang Ren. (2019). Breast cancer detection using deep convolutional neural networks and support vector machines. *Revue PeerJ*, 7(4).
- [51] Luqman Ahmed, Muhammad Munwar Iqbal, Hamza Aldabbas, Shehzad Khalid, Yasir Saleem, & Saqib Saeed. (2020). Images data practices for Semantic Segmentation of Breast Cancer using Deep Neural Network. *Revue Ambient Intelligence and Humanized Computing*, 12.
- [52] Al-Antari MA, Han SM, & Kim TS. (2020). Evaluation of deep learning detection and classification towards computer-aided diagnosis of breast lesions in digital X-ray mammograms. *Revue Computer Methods and Programs in Biomedicine*, 196.
- [53] Muhmmad Irfan Sharif, Jian Ping Li, Javeria Naz, & Iqra Rashid. (2019). A Comprehensive Review on Multi-Organs Tumor Detection based on Machine Learning, *Pattern Recognition Letters*.  
Repéré à <https://doi.org/10.1016/j.patrec.2019.12.006>
- [54] Sk Md Obaidullah, Sajib Ahmed, Teresa Gonçalves, & Luís Rato. (2020). RMID : A Novel and Efficient Image Descriptor for Mammogram Mass Classification. *Revue ITSRC 2018, AISC 945*, 229–240.
- [55] A. Aditya, Shastri, Deepti Tamrakar, & Kapil Ahuja. (2018). Density-wise two stage mammogram classification using texture exploiting descriptors. *Expert Systems With Applications*, 99.
- [56] Heminder Kaur, Jitendra Virmani, Kriti, & Shruti Thakur. (2019). A genetic algorithm-based metaheuristic approach to customize a computeraided classification system for enhanced screen film mammograms : U-Healthcare Monitoring Systems.

Repéré à <https://doi.org/10.1016/B978-0-12-815370-3.00010-4>.

- [57] Wessam M. Salama, & Moustafa H. Aly. (2021). Deep learning in mammography images segmentation and classification : Automated CNN approach. *Revue Alexandria Engineering Journal*, 60, 4701–4709.
- [58] Gobert Lee. (2020). *Deep Learning in Medical Image Analysis*. Hiroshi Fujita Editors. *Advances in Experimental Medicine and Biology*.  
Repéré à <https://doi.org/10.1007/978-3-030-33128-3>.
- [59] K. B. M. Heath, D. Kopans, R. Moore, & W.P. Kegelmeyer. (2001). The digital database for screening mammography. *Revue Medical Physics*, 212-218.
- [60] Mohammed Ngadi, Aouatif Amine, Bouchra Nassih, & Hanaa Hachimi. (2019). A highly efficient system for Mammographic Image Classification Using NSVC Algorithm. *Procedia Computer Science*, 148.
- [61] A. R. Mrunalini, A. R. NareshKumar, & J. Premaladha. (2020). Comparative Study on Various Techniques Involved in Designing a Computer Aided Diagnosis (CAD) System for Mammogram Classification. *New Trends in Computational Vision and Bio-inspired Computing*.  
Repéré à [https://doi.org/10.1007/978-3-030-41862-5\\_62](https://doi.org/10.1007/978-3-030-41862-5_62).
- [62] V. Nagarajan, EC. Britto, & SM. Veeraputhiran. (2019). Feature extraction based on empirical mode decomposition for automatic mass classification of mammogram images. *Medicine in Novel Technology and Devices*, 100004.  
Repéré à <https://doi.org/10.1016/j.medntd>.
- [63] Cleon Wong.  
Repéré à <https://towardsdatascience.com/can-you-find-the-breast-tumours-part-1-of-3-1473ba685036>.

- [64] Nicholas Cummins, Zhao Ren, Adria Mallol-Ragolta, & Björn Schuller. (2020). Machine learning in digital health, recent trends, and ongoing challenges : Artificial Intelligence in Precision Health.  
Repéré à <https://doi.org/10.1016/B978-0-12-817133-2.00005-7> .
- [65] Omar Sultan Al-Kadi, & A GABOR. (2017). FILTER TEXTURE ANALYSIS APPROACH FOR HISTOPATHOLOGICAL BRAIN TUMOUR SUBTYPE DISCRIMINATION. *Revue Preprint submitted to ISESCO JST journal*,12(22).
- [66] Belkacem ALLEL, & Lyes MIHOUBI. Analyse de texture par les filtres de Gabor et Laws. Master en Electronique, 2014
- [67] Olivier Regniers. (2014). Méthodes d'analyse de texture pour la cartographie d'occupations du sol par télédétection très haute résolution : application à la forêt, la vigne et les parcs ostréicoles. Traitement du signal et de l'image [eess.SP]. Université de Bordeaux. Français. NNT : 2014BORD0284. tel-01152599.
- [68] Winston-Salem, & North Carolina. (2009). IMAGE CLASSIFICATION USING GABOR FILTERS AND MACHINE LEARNING. In Partial Fulfillment of the Requirements for the Degree of MASTER OF SCIENCE.
- [69] M. Haghghat, S. Zonouz, & M. Abdel-Mottaleb (2015). CloudID : Trustworthy cloud-based and cross-enterprise biometric identification. *Revue Expert Systems with Applications*, 42(21), 7905-7916.
- [70] Filipovic. (2020). Machine learning approach for breast cancer prognosis prediction. *Revue Computational Modeling in Bioengineering and Bioinformatics*, Volume 52.  
Repéré à <https://doi.org/10.1016/B978 0-12-819583-3.00002-3>.

- [71] Tilottama Goswami. (2020). Machine learning behind classification tasks in various engineering and science domains. *Cognitive Informatics. Revue Computer Modelling, and Cognitive Science*, Volume 1.  
Repéré à <https://doi.org/10.1016/B978-0-12-819443-0.00016-7>.
- [72] S. Dhahbi, W. Barhoumi, & E. Zagrouba. (2015). Breast cancer diagnosis in digitized mammograms using curvelet moments. *Revue Comput Biol Med*, 64, 79–90.
- [73] Buciu, I., & Gacsadi, A. (2011). Directional features for automatic tumor classification of mammogram images. *Revue Biomedical Signal Processing and Control*, 6(4), 370–378.
- [74] S. Ergin, & O. Kilinc. (2015). A new feature extraction framework based on wavelets for breast cancer diagnosis. *Revue Computers in Biology and Medicine*, 51, 171–182.
- [75] A. Tahmasbi, F. Saki, & S. B. Shokouhi. (2011). Classification of benign and malignant masses based on Zernike moments. *Revue Computers in Biology and Medicine*, 41(8), 726–735.
- [76] L. Nanni, S. Brahnem, & A. Lumini. (2012). A very high performing system to discriminate tissues in mammograms as benign and malignant. *Revue Expert Systems with Applications*, 39(2), 1968–1971.
- [77] S. Beura, B. Majhi, & R. Dash. (2015). Mammogram classification using two dimensional discrete wavelet transform and gray-level co-occurrence matrix for detection of breast cancer. *Revue Neurocomputing*, 154, 1–14.
- [78] N. Karssemeijer. (1998). Automated classification of parenchymal patterns in mammograms. *Revue Phys Med Biol*, 43(2), 365–389.

- [79] K. Bovis, & S. Singh. (2002). Classification of Mammographic Breast Density using a Combined Classifier Paradigm. Revue In medical image understanding and analysis (MIUA) conference, Portsmouth(C), 1–4.
- [80] M.G. Mustra, & K. Delac. (2012). Breast density classification using multiple features selection. Control Meas. Revue Control Meas. Electron Comput Commun, 53(4), 362–372.
- [81] B. Kanisha, S. Lokesh, P.M. Kumar, P. Parthasarathy, & G. Chandra Babu. (2018). Speech recognition with improved support vector machine using dual classifiers and cross fitness validation, Pers. Ubiquitous Comput, 1–9.
- [82] X. Liu, & J. Tang. (2014). Mass Classification in Mammograms Using Selected Geometry and Texture Features, and a New SVM-Based Feature Selection Method. Revue IEEE Systems Journal, 8(3), 910-920.
- [83] ] M. A. Al-antari, M. A. Al-masni, S. U. Park, J. H. Park, M. K. Metwally, Y. M. Kadah, S. M. Han, & T.-S. Kim. (2017). An automatic computer-aided diagnosis system for breast cancer in digital mammograms via deep belief network. Revue Med Biol Eng.  
Repéré à <https://doi.org/10.1007/s40846-017-0321-6>.
- [84] B. Ioan, & G. Alexandru. (2011). Directional features for automatic tumor classification of mammogram images. Revue Biomedical Signal Processing and Control, vol 6, 370-378.
- [85] TOUANSA insaf, & HADFI chiraz. Analyse de la texture des images mammaires par une fusion des lois de Zipf et des filtres Gabor dans un processus de classification des tumeurs mammaires. Master. Université El Oued, 2020
- [86] Marleen de Bruijne. (2016). Machine learning approaches in medical image analysis : from detection to diagnosis, Medical Image Analysis.

Repéré à [10.1016/j.media.2016.06.032](https://doi.org/10.1016/j.media.2016.06.032)