REPUBLIQUE ALGERIENNE DEMOCRATIQUE ET POPULAIRE

MINISTERE DE L'ENSEIGNEMENT SUPERIEUR ET DE LA RECHERCHE SCIENTIFIQUE

UNIVERSITE YAHIA FARES DE MEDEA

Faculté de **T**echnologie

Département du **G**énie **E**lectrique

Mémoire de fin d'études de Master

Filière : Télécommunications

Spécialité : Système de Télécommunications

Étude d'un système intelligent pour la classification des cancers en utilisant le séquençage des ARN

Proposés et Dirigés par :

M. CHOUCHANE Ammar

M. BERKANI Mohamed Rafik Aymen

Réalisé par :

M^{lle}. ALIOUANE Ouardia Asma

M^{lle}. GHERNAOUTI Fella

Promotion 2023

Remerciment

Avant de débuter, nous exprimons notre louange et notre gratitude à Allah le Tout-Puissant pour nous avoir accordé la volonté, la santé, la patience et le courage nécessaires pour atteindre notre objectif.

Nous souhaitons exprimer vivement notre profonde reconnaissance envers notre encadrant, **M. CHOUCHANE Ammar,** qui, malgré ses nombreuses responsabilités, a accepté de superviser et de corriger minutieusement notre travail. Sa présence constante tout au long de cette année nous a particulièrement marqués. Nous lui sommes infiniment reconnaissants pour sa grande patience, ses conseils précieux, son assistance technique et matérielle, ainsi que pour les encouragements qu'il nous a prodigués.

Nous souhaitons également remercier chaleureusement **M. BERKANI Mohamed Rafik Aymen** pour sa contribution pertinente et considérable dans l'élaboration de ce travail. Sa contribution a été d'une grande valeur et a grandement contribué à la finalisation de ce travail.

De plus, nous tenons à exprimer nos sincères remerciements à :

M. REBIAI Mohamed, pour son enthousiasme, sa compréhension et sa passion pour l'enseignement, son dévouement envers notre réussite et son impact positif sur notre parcours éducatif. Nous le remercions également d'avoir gracieusement accepté de faire partie du jury.

M. HANINI, pour ses enseignements dont nous avons largement bénéficié tout au long de notre spécialisation, ainsi que pour avoir examiné ce travail et accepté de faire partie du jury.

Nous n'oublions pas de témoigner notre sincère gratitude et reconnaissance envers toutes les personnes qui ont contribué, de près ou de loin, à la réalisation de ce travail.

Nos remerciements vont également à tous les membres de nos familles, pour leur soutien moral et pour l'atmosphère agréable qu'ils ont créé autour de nous.

Dédicace

*À mon **grand-père**, **<<**Bien que tu ne sois plus physiquement parmi nous depuis sept ans, ton amour et ta présence continuent à briller dans mon cœur chaque jour. Aujourd'hui, je souhaite prendre un moment pour te rendre hommage et dédier ce travail en ta mémoire. Repose en paix, tu resteras à jamais gravé dans mes souvenirs et dans mes prières>>.*

*À chères **grand-mères**, modèles de générosité et de force <<Je suis bénie de vous avoir comme grand-mères>>.*

*À mon cher **père**, <<Tu m'as toujours comblé de ton amour, et c'est grâce à toi que je suis devenue la femme que je suis aujourd'hui. Tu es une véritable source d'inspiration, une épaule solide sur laquelle je peux compter et un regard attentif empreint de compréhension. Je te suis infiniment reconnaissante>>.*

*À ma merveilleuse **mère**, <<Tu as consacré ta vie à prendre soin de moi, à me guider et à m'encourager à poursuivre mes rêves, je te suis profondément reconnaissante>> .*

*À chère **tante Nabila**, et **Adel AIT-MEKIDECHE**, << Je peux toujours compter sur vous. Votre présence et votre soutien indéfectibles ont été des cadeaux précieux. Je vous remercie du fond du cœur >>.*

*À mes précieux frères, <<**Mohamed**, tu as toujours été là pour moi, ta présence et ton soutien indéfectibles ont été d'une importance capitale dans mon parcours. **Hocine** et **Hamza**, mes chers petits frères, vous apportez de la lumière et de la complicité dans ma vie>>.*

*À **Feriel** et **Adel Zeroual** ,<<Votre soutien inconditionnel est une source de réconfort et de motivation ,merci infiniment>>.*

*À ma collègue de thèse, **Ghernaouti Fella,**<< merci pour ta présence précieuse>>.*

*À **ma famille**, <<merci pour votre soutien constant et votre amour inconditionnel.>>.*

*À **toutes les personnes qui luttent contre le cancer dans le monde**<< Votre espoir et votre combat seront récompensé un jours par une découverte que nous souhaitons qui mettra un terme à tous vos souffrance>>.*

ALIOUANE Ouardia Asma

Dédicaces

Toutes les lettres ne sauraient trouver les mots qu'il faut...

Tous les mots ne sauraient exprimer la gratitude, l'amour, Le respect, la reconnaissance....

Je dédie cette Thèse...

À ma mère aimante, tu as été l'étoile brillante dans ma vie, mon guide et une source inépuisable d'amour et de soutien. Merci pour chaque moment partagé, tes mots encourageants et ton rôle irremplaçable.

À Mon cher père, mon roc et mon modèle, je te suis reconnaissant pour ton soutien inconditionnel et ta bienveillance. Tu es un exemple de persévérance et de dévouement. Tu as été un père exceptionnel.

À mes très chères sœurs Cherifa,Karima,Nassima et à mon frère Mohamed et sa femme, vous êtes les piliers de ma vie et ma source constante de bonheur. Votre soutien inconditionnel, votre amour et votre présence ont été des bénédictions que je chéris chaque jour.

À ma chère amie Selmani Laila, ce mémoire t'est dédié en témoignage de notre amitié indéfectible. Tu as été présente à chaque étape, de m'avoir soutenu et inspiré.

À ma collègue de thèse, Aliouane Asma, en témoignage de notre partenariat exceptionnel. Ta présence à mes côtés a été une source de motivation, de soutien et d'inspiration tout au long de ce projet.

Ce travail est spécialement dédié à M.Berkani Mohamed Rafik Aymane, dont la collaboration active, les idées brillantes et la persévérance ont été d'une importance capitale pour la réalisation de ce projet.

C'est avec une profonde reconnaissance envers tous ceux qui ont été présents à chaque étape de ce projet que je présente ce mémoire. Leur soutien et leur collaboration ont été essentiels à sa réalisation.

Ghernaouti Fella

ملخص

كان تصنيف الأمراض السرطانية مجالًا بحثيًا ذا أهمية كبيرة في السنوات الأخيرة. وبفضل التقدم التكنولوجي، زاد الباحثون من الموارد والمعرفة لتحديد العوامل الرئيسية التي يمكن أن تؤدي إلى الإصابة بالسرطان. في هذه الدراسة، نستخدم بيانات تسلسل الحمض النووي الريبي لتصنيف خمسة أنواع مختلفة من السرطان. تقترح دراستنا خوارزمية جديدة للتعلم العميق سرطان الغدة الرئوية (BRCA)سرطان الثدي الغازي (KIRC)باستعمال تسع طبقات لتصنيف سرطان الخلايا الكلوية الصافية . وقد أجري تقييم الأداء باستخدام (UCEC)وسرطان بطانة الرحم (LUSC)، سرطان الخلايا الحرشفية الرئوية (LUAD) معدل النجاح ومعدل الخطأ خلال مرحلتي التعلم والاختبار حيث أظهرت النتائج أن نهجنا يعمل بشكل جيد مقارنة بالأساليب الحديثة.

الكلمات المفتاحية: أمراض السرطان، السرطان، تسلسل الحمض النووي الريبوزي، التعلم العميق، الذكاء الاصطناعي، شبكة عصبية متسلسلة، التعلم العميق، الإنترنت الذكية للأشياء، المعالجة الأولية، التصنيف، التنبؤ.

Résumé

La classification des maladies cancéreuses est un domaine de recherche d'une grande importance ces dernières années. Grâce aux avancées technologiques, les chercheurs disposent de ressources et de connaissances accrues pour identifier les facteurs clés pouvant déclencher le cancer. Dans cette étude, nous utilisons des données de séquençage d'ARN pour classer cinq types de cancer différents. Notre étude propose un nouvel algorithme d'apprentissage profond avec neuf couches pour classer le carcinome rénal à cellules claires (KIRC), le carcinome invasif du sein (BRCA), l'adénocarcinome pulmonaire (LUAD), le carcinome épidermoïde pulmonaire (LUSC) et le cancer de l'endomètre (UCEC). L'évaluation des performances a été réalisée en utilisant le taux de réussite et le taux d'erreur lors des phases d'apprentissage et de test. Les résultats obtenus démontrent que notre approche donne de bons résultats par rapport aux méthodes récentes.

Mot clé : Maladies Cancéreuses, Cancer, Séquençage d'ARN, Apprentissage Profond, Intelligence Artificielle, CNN, Apprentissage Profond, IOT, Prétraitement, classification, prédiction.

Abstract

Classification of cancer diseases has been a major area of research in recent years. Advances in technology provide researchers with increased resources and knowledge to identify key factors that can trigger cancer. In this study, we use RNA sequencing data to classify five different types of cancer. Our study proposes a new deep learning algorithm with nine layers for classifying clear cell renal carcinoma (KIRC), invasive breast carcinoma (BRCA), pulmonary adenocarcinoma (LUAD), pulmonary squamous cell carcinoma (LUSC) and endometrial

cancer (UCEC). The performance evaluation was carried out using the success rate and the error rate during the learning and testing phases. The results show that our approach is working well compared to recent methods.

Keyword: Cancer Diseases, Cancer, RNA Sequencing, Deep Learning, Artificial Intelligence, CNN, Deep Learning, IoT, Preprocessing, Classification, Prediction.

Sommaire

Liste des figures ..... **IX**

Liste des tableaux ..... **XI**

Liste des abréviations ..... **XII**

Introduction Générale **1**

Chapitre I : La maladie de Cancer et le rôle d'ARN dans le Diagnostique **3**

I.1 Introduction ***3***

I.2 La maladie de cancer ***3***

I.2.1 La cellule du corps humain 3

I.2.1.1 Fonctionnement des cellules 3

I.2.1.2 La structure de la cellule 4

I.2.2 Le cancer 5

I.2.2.1 Comment s'étendent les cancers ? 5

I .2.2.2 Les causes de cancer 5

I.3 Séquence d'ARN et diagnostic de cancer ***6***

I.3.1 La Structure de la séquence d'ARN 6

I.3.2 la mutation génétique 7

I.4 Types de cancer ***7***

I.4.1 Cancers du sein 7

I.4.2 Cancer de rein 8

I.4.3 Cancer du poumon 8

I.4.3.1 Adénocarcinome pulmonaire 9

I.4.3.2 Carcinome épidermoïde pulmonaire 9

I.4.4 Le cancer de l'endomètre 9

I.5 Passage de séquence d'ARN en signal unidimensionnel ***10***

I.6- Classification des maladies de cancer à partir de séquence d'ARN ***12***

I .6.1 Gene signature 12

I.6.2 Les contributions des signatures mutationnelles aux cancers individuels de types de cancer sélectionnés 14

I.7 Conclusion ***15***

Chapitre II : Intelligence Artificielle et Internet des Objets **16**

II.1-Introduction ***16***

II.2-Prétraitement des signaux ***16***

II.2.1-Transformée en cosinus discrète (DCT) 16

II.2.1.1-DCT-1D 16

II.2.1.2 DCT-2D 18

II.2.2 Hilbert 20

II.2.3 L'opérateur d'énergie de Teager-Kaiser (TEO) 21

II.2.4 La Transformée de Fourier Rapide (FFT) 23

II.3 L'intelligence artificielle *24*
II.4-L'apprentissage automatique *25*
II.4.1-L'apprentissage supervisé 26
II.4.1.1 Régression 27
II.4.1.2 Classification 27
II.4.2 L'apprentissage non supervisé 28
II.4.2.1 Clustering 28
II.4.2.2 L'association 29
II.5 l'apprentissage profond *30*
II.5.1 Définition de l'apprentissage profond 30
II.5.2 l'utilité d'apprentissage profond 31
II.5.3 Méthodes d'apprentissage 31
II.5.3.1 Différence entre apprentissage supervisé et non supervisé 32
II.5.4-Domaines d'application de l'apprentissage profond 33
II.6-Réseaux Neurones *34*
II.6.1-Neurone biologique 34
II.6.2-Réseaux neurones artificiels 35
II.6.3-Architecture des Réseaux de neurones 36
II.6.4-Caractéristiques des Réseaux de Neurones Artificiels 36
II.6.5-Types de réseaux de neurones 39
II.6.5.1 Réseaux de neurones artificiels (ANN) 39
II.6.5.2-Deep Neural Network (DNN) 39
II.6.5.3-Réseau neuronal récurrent (RNN) et LSTM 40
II.6.5.4-Réseau neuronal convolutif 40
II.7- Types de modèles exploitant les architectures d'apprentissage profond *48*
II.8-Internet des objets (IOT) *49*
II.8.1-Domaines d'application de l'IOT 50
Les applications de l'IOT sont vastes et touchent pratiquement tous les domaines de la vie quotidienne des individus, des entreprises et de la société dans son ensemble. 50
II.8.2 Architecture de l'IDO 51
II.8.2.1 Couche de Perception 51
II.8.2.2 Couche de Transmission 52
II.8.2.3 Couche Application 52
II.9-Conclusion *52*

Chapitre III : Simulation et évaluation des résultats **53**
III.1-Introduction *53*
III.2- Méthodologie proposée *53*
III.2.1-Diagramme de système proposé 53
III.2.2-Prétraitement 54
III.2.3-Modèle CNN 56
III.2.3.1-Architecture utilisée 57
III.2.3.2-Compiler 60
III.3- Matérielles utilisé *60*
III.3.1- Software 60

III.3.2-Hardware 60
III.4-Bibliothèques utilisées 61
III.5-Résultats expérimentales obtenus 62
III.5.1-Base de données 63
III.5.1.1-Description de Base de données utilisée 64
III.5.2-Décomposition des signaux 65
III.5.3- Evaluation des résultats lors de l'entraînement 65
III.5.3.1-Graphe de précision et des pertes 66
III.5.3.2-Rapport de classification 67
III.5.3.3-Matrice de Confusion 69
III.5.4- Evaluation des résultats lors du test 71
III.5.4.1-Rapport de classification 71
III.5.4.2-Matrice de Confusion 72
III.6- Comparaison 73
III.6-Conclusion 74
Conclusion Générale 53

Liste des figures

Figure I.1: Représentation d'une cellule humaine. 3
Figure I. 2: Différents types de cellules dans le corps humain 4
Figure I. 3: Structure d'une cellule 4
Figure I. 4: Représentation de la structure de l'ARN. 6
Figure I. 5: Illustration des mutations génétiques. 7
Figure I. 6: Example de codage 'one-hot' d'une séquence d'ARN "CGAUAACCGAUAU". 10
Figure I. 7: Concaténation des codages en vecteur 'one-hot' pour une séquence d'ADN. 11
Figure I. 8: Représentation graphique d'un signal électrique du cancer basé sur la séquence ARN :(A) BRCA, (B) KIRC, (C) LUAD, (D) LUSC, (E) UCEC. 11
Figure I.9: le pourcentage des différentes mutations dans la signature 1. 12
Figure I. 10: le pourcentage des différentes mutations dans la signature 3 13
Figure I. 11: le pourcentage des différentes mutations dans la signature 4. 14
Figure I. 12:la classification de certains types de cancer par leurs signatures. 15

Figure II. 1: Fonction de base de cosinus à une dimension (N=8). 18
Figure II. 2: Fonctions de base DCT bidimensionnelles (N = 8). Le gris neutre représente zéro, le blanc représente des amplitudes positives et le noir représente une amplitude négative. 19
Figure II. 3: Analyse comparative d'un signal électrique brut et sa transformation par la méthode DCT. 20
Figure II. 4: Analyse comparative entre le signal électrique d'origine et sa transformation par la méthode d'Hilbert. 21
Figure II. 5: Analyse comparative entre le signal électrique d'origine et sa transformation par la méthode TEO. 23
Figure II. 6: Analyse comparative entre le signal électrique d'origine et sa transformation par la méthode FFT. 24
Figure II. 7: Illustration de l'intelligence artificielle et ses sous domaine 25
Figure II. 8: Entraînement d'une machine à reconnaître des objets à partir de données étiquetées. 27
Figure II. 9:prédiction du prix d'un appartement en fonction de sa surface habitable. 27
Figure II. 10: Classification des tumeurs bénignes et malignes selon la taille et de l'âge.. 28
Figure II. 11: Classification d'images basée sur des motifs sans supervision. 28
Figure II. 12: Analyse de groupe pour optimiser la rétention de clients dans une entreprise de télécommunications. 29
Figure II. 13: Observations des comportements d'achat des clients dans un supermarché pour établir des relations entre leurs comportements. 30
Figure II. 14: Machine Learning vs Deep Learning. 31
Figure II. 15: Ensembles de données étiquetés pour l'apprentissage supervisé et classification de données invisibles. 32
Figure II. 16: L'entraînement et la classification des données par l'apprentissage non supervisé. 32
Figure II. 17: Apprentissage supervisé et non supervisé. 33
Figure II. 18: Représentation du neurone biologique. 35
Figure II. 19: Illustration d'une unité de traitement individuelle. 35
Figure II. 20: Réseaux neurones. 36
Figure II. 21: Architecture d'un réseau de neurones artificiels. 36
Figure II. 22: Principes de calcul des neurones artificiels. 37
Figure II. 23: Construction du modèle de réseau neuronal profond DNN. 39
Figure II. 24: Architecture de RNN pour l'ouverture d'un réseau. 40

Figure II. 25: illustration des différentes couches CNN. 41
Figure II. 26: Architecture de base du réseau CNN. 42
Figure II. 27: Opération de convolution. 43
Figure II. 28: opération convolution avec padding. 44
Figure II. 29: Application de la fonction d'activation ReLU. 44
Figure II. 30: Application de Max Pooling. 45
Figure II. 31: Application d'érage Pooling. 46
Figure II. 32: Application d'érage Pooling. ..... **Error! Bookmark not defined.**
Figure II. 33 Comparaison des couches d'un réseau neuronal entièrement connecté (à gauche) et après la suppression de 50% des connexions (à droite). 48
Figure II. 34 Illustration des divers types de modèles exploitant des architectures d'apprentissage profond. 48
Figure II. 35: Exploration tridimensionnelle de la connectivité IoT. 49
Figure II. 36: Illustration des facteurs déclencheurs de l'Internet des Objets. 50
Figure II. 37: Aperçu des différentes applications de l'IoT. 50

Figure III. 1: Organigramme de model proposé 54
Figure III. 2: Effet de la méthode de prétraitement FFT-DCT sur un signal des séquence ARN 55
Figure III. 3: Analyse de prétraitement des signaux par concaténation matricielle et vectorielle. 56
Figure III. 4: Diagramme schématique de procédure d'entrainement des réseaux CNN. 57
Figure III. 5: Représentation plus visuelle de notre modèle en 3D. 58
Figure III. 6: Détails de l'architecture CNN utilisée. 59
Figure III. 7: Logo TensorFlow. 61
Figure III. 8: Logo keras. 61
Figure III. 9: Logo Sklearn. 61
Figure III. 10: Matplotlib 61
Figure III. 11: Visualisation de la distribution des données. 65
Figure III. 12: Décomposition des fichiers. 65
Figure III. 13: Graphe de précision et de perte pour la méthode TEO. 66
Figure III. 14: Graphe de précision et de perte pour la méthode DCT-FFT. 67
Figure III. 15: Matrice de confusion pour la méthode TEO. 69
Figure III. 16: Matrice de confusion pour la méthode DCT-FFT. 70
Figure III. 17: Comparaison de la similarité entre les signaux de la classe 3 (à droite) et de la classe 4 (à gauche) 71
Figure III. 18: Matrice de confusion pour la méthode TEO. 72

Liste des tableaux

Tableau II. 1: supervisé vs non supervisé. 33
Tableau II. 2:suivant présente les fonctions d'activation les plus couramment utilisées. 38
Tableau II. 3: Architecture de l'IOT. 51

Tableau III. 1: Performances comparatives des méthodes de prétraitement utilisées. 62
Tableau III. 2: Tableau de distribution des signaux. 64
Tableau III. 3: Rapport de Classification la méthode TEO. 67
Tableau III. 4: Rapport de Classification la méthode DCT-FFT. 68
Tableau III. 5: Rapport de Classification la méthode TEO. 72
Tableau III. 6: Comparaison entre les études connexes et l'étude présentée. 73

Liste des abréviations

ADN : Acide Désoxyribonucléique.

ANN : Réseau de Neurones Artificiels.

ARN : Acide Ribonucléique.

ARNm : Acide Ribonucléique Messager.

BRCA : Carcinome du Sein Associé au Gène BRCA.

CNN : Réseau de Neurones Convolutifs.

DCT : Transformée en Cosinus Discrète.

DL : Apprentissage Profond (Deep Learning).

DNN : Réseau de Neurones Profond.

ELU : Unité Linéaire Exponentielle.

FC : Couche Complètement Connectée (Fully Connected).

FFT : Transformée de Fourier Rapide.

IA : Intelligence Artificielle.

IOT : Internet des Objets.

KIRC : Carcinome du Rein à Cellules Claires.

LSTM : Réseau de Neurones à Mémoire à Long Terme.

LUAD : Adénocarcinome Pulmonaire.

LUSC : Carcinome Épidermoïde Pulmonaire.

ML : Apprentissage Automatique (Machine Learning).

NN : Réseau de Neurones.

RELU : Unité Rectifiée Linéaire.

RNN : Réseau de Neurones Récurrents.

TEO : Opérateur d'énergie de Teager-Kaiser

TFD : Transformée de Fourier Discrète.

Introduction Générale

Introduction générale

Le cancer, en tant que terme général, regroupe un ensemble de maladies caractérisées par une croissance cellulaire anormale présentant des caractéristiques métastatiques et invasives. Il est l'un des maladies les plus redoutées et agressives au monde, est responsable de plus de 9 millions de décès à l'échelle mondiale[1]. La maladie de cancer est l'une des principales causes de décès dans le monde, et la classification précise des différents types de cancer est cruciale pour le diagnostic et le traitement efficaces. Avec les avancées technologiques dans le domaine de la biologie moléculaire, les séquences d'ARN (acide ribonucléique) sont devenues une source d'information essentielle pour la compréhension des mécanismes sous-jacents au cancer. Les techniques de deep learning offrent des outils puissants pour l'analyse de ces séquences et peuvent contribuer de manière significative à la classification des cancers.

La détection précoce du cancer joue un rôle crucial dans l'amélioration des chances de guérison. Une technique de mise en scène prometteuse est l'analyse de séquences d'ARN, permettant d'identifier les anomalies génétiques associées au cancer. Les avancées récentes dans les techniques d'intelligence artificielle et les algorithmes d'optimisation ont considérablement facilité cette analyse de la génomique humaine.

Dans ce projet de fin d'étude nous proposons une approche novatrice d'apprentissage profond (Deep Learning) optimisé basée sur le prétraitement et les réseaux neurones convolutif unidimensionnel (CNN-1D) pour la classification des différents types de cancer à partir des données d'expression génique issues de séquences d'ARN tumoral (ARN-Seq). Notre approche vise à exploiter les caractéristiques informatives présentes dans ces séquences pour distinguer différents types de cancer de manière précise et fiable. Les types de cancer étudiés dans cette recherche incluent le carcinome rénal à cellules claires du rein (KIRC), le carcinome invasif du sein (BRCA), le carcinome épidermoïde du poumon (LUSC), l'adénocarcinome du poumon (LUAD) et le carcinome endométrial du corps de l'utérus (UCEC). Pour améliorer les performances de classification, nous avons également exploré différentes méthodes de prétraitement du signal.

Dans le premier chapitre, nous explorons les principes fondamentaux de la maladie de cancer et de son développement dans le corps humain. Nous abordons les différents types de cancer, leurs origines, ainsi que le rôle des séquences d'ARN dans le diagnostic et la classification de cette maladie. De plus, nous examinons en détail la conversion de la séquence.

D’ARN en un signal unidimensionnel, une étape essentielle pour comprendre la création d'un système de classification intelligent des types de cancer.

Le deuxième chapitre porte sur les avancées spectaculaires de l'Intelligence Artificielle (IA) grâce à l'apprentissage profond. Nous examinerons les techniques de traitement du signal, l'application de l'IA et de l'apprentissage automatique, ainsi que l'utilisation des réseaux de neurones et de l'apprentissage profond dans divers domaines. De plus, nous aborderons l'impact de l'Internet des objets (IoT) sur l'analyse en temps réel des données.

Finalement, nous avons développé un système d'intelligence artificielle basé sur Python qui met en pratique notre approche de classification des cinq types de cancer grâce à l'utilisation du deep learning. Ce chapitre détaillera les différentes étapes de la simulation, de la préparation des données à l'évaluation/test ainsi que les résultats obtenus. En outre, nous examinerons attentivement les avantages et les limites de notre modèle.

Chapitre I : La maladie de Cancer et le rôle d'ARN dans le Diagnostique

I.1 Introduction

Dans ce chapitre, nous allons explorer les concepts fondamentaux du cancer et comment il se développe dans le corps humain. Nous discuterons également des différents types de cancer et de leurs causes, ainsi que du rôle des séquences d'ARN dans le diagnostic et la classification du cancer. En outre, nous allons expliquer en détail comment passer de la séquence d'ARN à un signal unidimensionnel, qui est une étape cruciale pour la création d'un système intelligent capable de classifier efficacement les types de cancer.

I.2 La maladie de cancer

I.2.1 La cellule du corps humain

Les cellules constituent le fondement de tous les organismes vivants, y compris les êtres humains. Il est important de noter que le corps humain est composé de milliards de cellules distinctes. Les cellules sont également les éléments fondamentaux de la construction du corps humain, représentant l'unité la plus petite en termes de structure et de fonctionnement au sein d'un organisme vivant. Cette notion est illustrée dans la Figure ci-dessous[2].

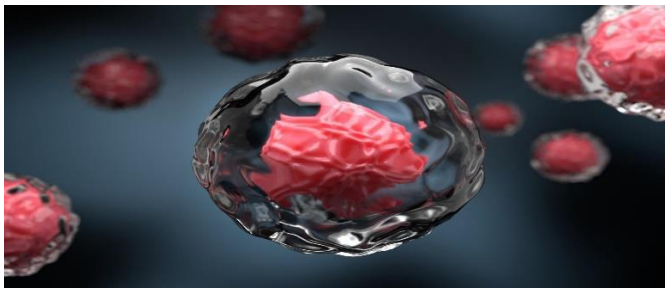


Figure I.1: Représentation d'une cellule humaine.

I.2.1.1 Fonctionnement des cellules

Cette unité remplit toutes les fonctions de l'organisme : le métabolisme, le mouvement, la croissance, la reproduction, la transmission des gènes, la création et le bon fonctionnement de nos muscles, de notre cerveau, de notre système digestif .Elles ont différentes formes : celles présentés dans le cerveau sont en forme d'étoile, tandis que celles situées dans nos muscles sont plus en forme de bâton et ses détails sur la Figure I.2[2].

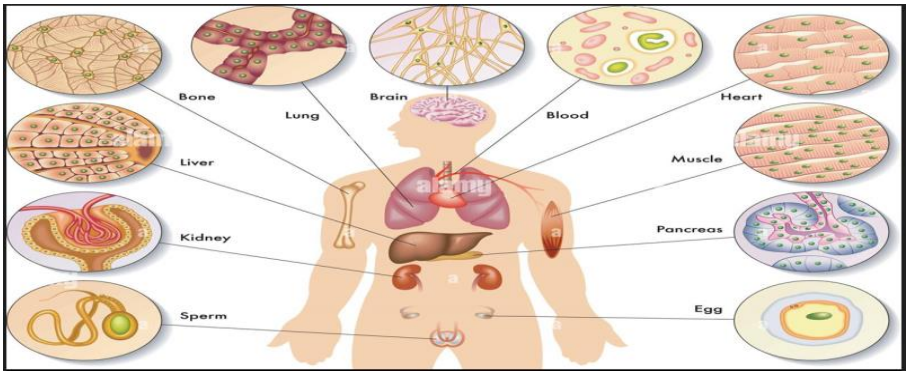


Figure I. 2: Différents types de cellules dans le corps humain

I.2.1.2 La structure de la cellule

La membrane cytoplasmique sépare l'intérieur et l'extérieur de la cellule et permet les échanges entre cette cellule et le milieu qui l'entoure. À l'intérieur de la cellule, nous trouvons: le noyau (le centre de l'information génétique) lui-même est délimité par la membrane nucléaire, et le cytoplasme, qui est un milieu aqueux semi-liquide (gel) qui traverse le système membranaire interne le réticulum endoplasmique [3]. Il existe de nombreux organites tels que les mitochondries, les ribosomes et l'appareil de Golgi ayant chacun des fonctions spécifiques. Il existe également de nombreuses vésicules telles que les lysosomes ou les peroxysomes. La cellule est dynamique et sa forme et sa structure sont préservées par les structures moléculaires dynamiques du cytosquelette contemporain les connaissances et techniques biologiques permettent de caractériser chacune des structures citées ci-dessous sur la FigureI.3[3].

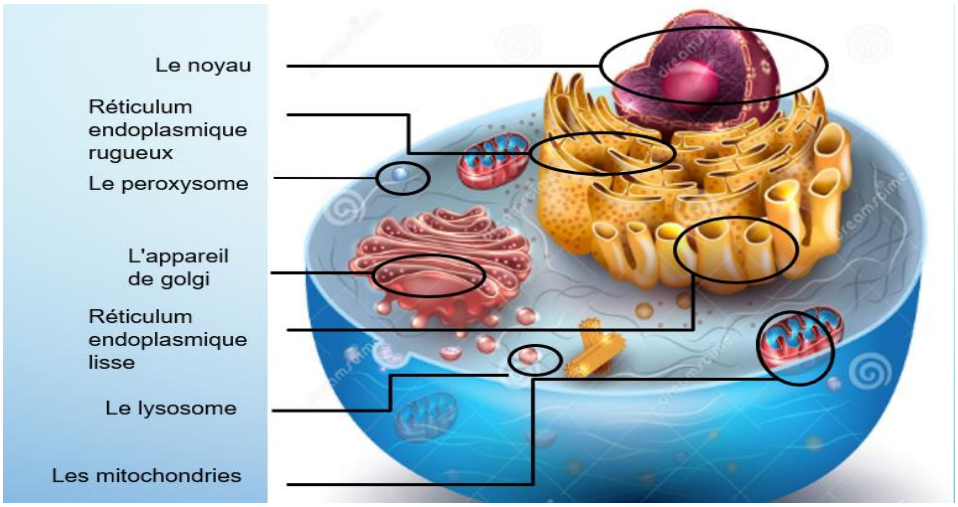


Figure I. 3: Structure d'une cellule

I.2.2 Le cancer

Le cancer est une maladie dans laquelle certaines cellules du corps se développent de façon incontrôlable et se propagent à d'autres parties du corps. Normalement, les cellules humaines se développent et se multiplient (par un processus appelé division cellulaire) pour former de nouvelles cellules que le corps a besoin d'eux. Lorsque les cellules vieillissent ou sont endommagées, elles meurent et de nouvelles cellules prennent leur place. Parfois, ce processus ordonné se décompose, et les cellules anormales ou endommagées se développent et se multiplient quand elles ne devraient pas[3].

Les tumeurs cancéreuses se propagent ou envahissent les tissus avoisinants et peuvent se déplacer vers des endroits éloignés du corps pour former de nouvelles tumeurs (un processus appelé métastase)[3].

I.2.2.1 Comment s'étendent les cancers ?

Au fil de leurs multiplications successives, certaines cellules cancéreuses peuvent acquérir la capacité de s'échapper de leur tissu d'origine. Via les vaisseaux sanguins ou lymphatiques, elles peuvent alors coloniser d'autres organes et y fonder des cancers secondaires, appelés métastase[4].

Mais où qu'il soit situé, un cancer est toujours déterminé par son tissu d'origine. Ainsi par exemple, un cancer de la prostate qui a envoyé des métastases dans les os ne se transforme pas en cancer de l'os. Un « vrai » cancer osseux se développe au départ des cellules de l'os et il s'agit d'une maladie complètement différente[4].

I .2.2.2 Les causes de cancer

La majorité des cancers ne peuvent être attribués à un unique facteur, mais plutôt à un ensemble complexe de plusieurs éléments de risque. Parfois, le cancer peut survenir chez des personnes qui ne présentent aucun de ces éléments de risque connus. Les facteurs de risque du cancer peuvent être des substances ou des conditions qui augmentent la probabilité de développer un cancer, mais ils peuvent également jouer des rôles différents dans l'apparition et le développement du cancer. Voici quelques exemples de facteurs de risque de cancer[5] :

- Le processus de vieillissement
- Le tabagisme
- L'exposition au soleil sans protection adéquate
- La présence de certains changements génétiques
- Le surpoids ou l'obésité

- Une alimentation peu saine
- Le manque d'activité physique
- La consommation d'alcool
- L'exposition à des substances chimiques nocives au travail ou à la maison
- La contraction de certains types d'infections.

I.3 Séquence d'ARN et diagnostic de cancer

I.3.1 La Structure de la séquence d'ARN

L'ARN est une molécule constituée d'un enchaînement de ribonucléotides (adénine, cytosine, guanine, uracile) reliés entre eux par des liaisons nucléotidiques. L'ordre est dicté par la séquence des désoxyribonucléotides portés par l'ADN. L'ARN est synthétisée à partir d'une matrice d'ADN dont il est une copie qu'il utilise dans les cellules comme une molécule intermédiaire des gènes entre le noyau et le cytoplasme pour but de fabriquer les protéines dont ils ont besoin. Les ribonucléotides sont différents des désoxynucléotides par la présence d'un groupement OH en 2 du ribose, mais aussi par le fait que la thymine (T) est remplacée par l'uracile (U)[6].

Contrairement à l'ADN, qui est généralement structuré en double hélice, l'ARN peut adopter diverses conformations qui sont étroitement liées à sa fonction. Par conséquent, certaines molécules d'ARN se présentent sous forme de brin simple. La Figure I.4 illustre la structure de l'ARN ainsi que ses composants[6].

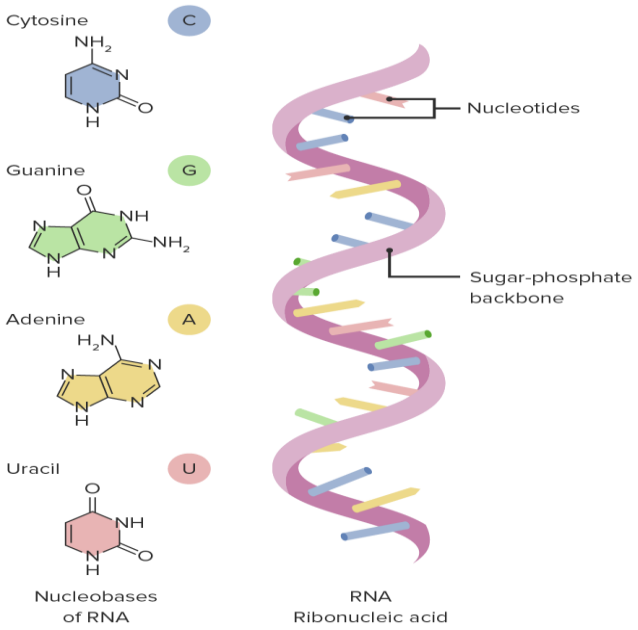


Figure I. 4: Représentation de la structure de l'ARN.

I.3.2 la mutation génétique

De multiples types de changements génétiques peuvent mener au cancer. Un changement génétique, appelé mutation de l'ADN ou variante génétique, est un changement dans le code de l'ADN, comme une coquille dans la séquence des lettres de l'ADN. Certaines variantes affectent seulement une lettre d'ADN, appelée nucléotide. Un nucléotide peut être manquant, ou il peut être remplacé par un autre nucléotide. Ce sont des mutations ponctuelles[7].

Par exemple, environ 5% des personnes atteintes de cancer ont une mutation ponctuelle dans le gène KRAS qui remplace la lettre ADN G par A. Ce changement de lettre unique crée une protéine KRAS anormale qui dit constamment aux cellules de croître. Des changements génétiques provoquant le cancer peuvent également se produire lorsque des segments d'ADN parfois très gros sont réarrangés, supprimés ou copiés. Ce sont des réarrangements chromosomiques. Comme le montre la Figure ci-dessous[7].

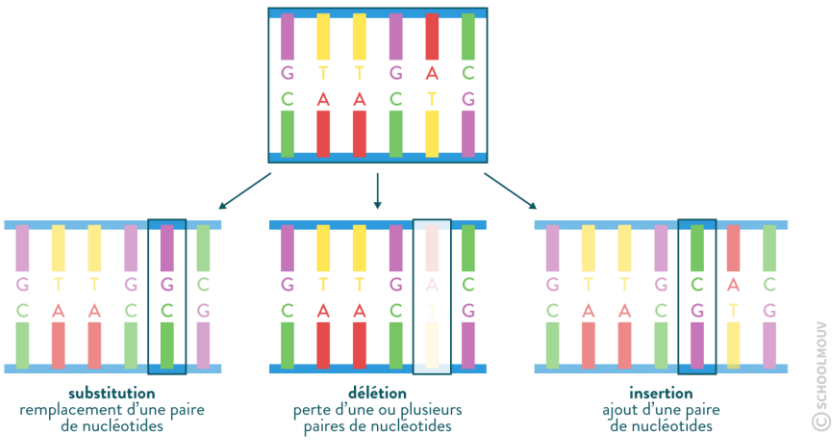


Figure I. 5: Illustration des mutations génétiques.

I.4 Types de cancer

Derrière le terme cancer se cachent une centaine de maladies différentes dans liste présentée ci-dessous on va citer cinq types[8] :

I.4.1 Cancers du sein

Le cancer du sein est une tumeur maligne qui se développe au niveau de la glande mammaire. Il s'agit du cancer le plus fréquent chez la femme que chez les hommes[9]. Ces cellules cancéreuses peuvent rester dans le sein, mais peuvent parfois migrer hors du sein, on parle alors de métastases[10].

Les symptômes du cancer du sein peuvent varier d'une personne à l'autre et certaines personnes atteintes de cancer du sein peuvent ne pas présenter de symptômes du tout. Cependant, voici quelques symptômes courants qui peuvent indiquer la présence de cancer du sein : Une bosse ou un épaississement dans le sein ou la zone de l'aisselle.

- Une masse dure dans un sein, fixe ou mobile, aux contours souvent irréguliers,
- Des ganglions gonflés et durs, non douloureux, au niveau de l'aisselle,
- Des écoulements spontanés au niveau d'un des deux mamelons,
- Une modification d'un mamelon ou de l'aspect de la peau du sein.

Lorsque le cancer du sein s'est propagé au reste du corps, d'autres symptômes peuvent apparaître : fatigue, nausées, perte de poids, douleurs des os ou troubles de la vision[11].

I.4.2 Cancer de rein

Le rein est un organe qui joue un rôle important dans le nettoyage de notre corps en filtrant le sang pour éliminer les déchets. Cependant, parfois une cellule normale du rein peut subir une transformation qui la rend cancéreuse. Cette cellule cancéreuse peut se multiplier rapidement et former une masse de tissu appelée tumeur maligne. Si elle n'est pas traitée, cette tumeur peut envahir les tissus environnants et se propager à d'autres parties du corps[12].

Le cancer du rein peut se développer sans symptômes apparents. Ainsi, il est souvent découvert de manière fortuite lors d'une échographie ou d'un scanner. Cependant, dans certains cas, il peut y avoir des signes révélateurs tels que[12] :

- Une hématurie : présence de sang dans les urines de manière indolore et récidivante.
- Une douleur du flanc.
- La palpation d'une masse lombaire.
- La révélation par une métastase : le cancer du rein se propage dans les poumons dans 75 % des cas. On peut donc révéler un cancer du rein par l'ensemble des signes du cancer du poumon.
- Une altération de l'état général avec perte de poids et fièvre inexpliquée.

I.4.3 Cancer du poumon

Le cancer du poumon, également connu sous le nom de cancer bronchique ou cancer bronchopulmonaire. Est une maladie où des cellules anormales se développent dans les bronches ou les alvéoles pulmonaires, formant une masse appelée tumeur maligne. Cela se produit lorsque les cellules se multiplient de manière incontrôlable après une mutation[13].

Les symptômes des cancers du poumon à un stade avancé sont[11]. :

- Une toux qui ne disparaît pas et tend à s'aggraver, voire qui produit des crachats sanguinolents ;
- Des douleurs dans la poitrine qui augmentent pendant la toux ;
- Une respiration sifflante et un essoufflement à l'effort ;
- Un enrouement de la voix qui ne disparaît pas après quelques semaines ;
- Des infections respiratoires récidivantes.

Il existe différents types courants de cancer du poumon, tels que :

I.4.3.1 Adénocarcinome pulmonaire

L'adénocarcinome se forme à partir de cellules pulmonaires qui produisent le mucus et est généralement localisé dans les régions externes des poumons, ce qui facilite souvent sa détection précoce[14].

I.4.3.2 Carcinome épidermoïde pulmonaire

Ce type de cancer du poumon se développe dans les cellules plates tapissant les voies respiratoires d'un poumon (bronches). Bien que moins fréquent que l'adénocarcinome, il reste l'un des types de cancer du poumon les plus courants[14].

I.4.4 Le cancer de l'endomètre

Le cancer de l'endomètre est une maladie qui se produit lorsque les cellules de l'endomètre, le tissu qui tapisse la paroi intérieure de l'utérus, se transforment et se multiplient de manière incontrôlable, formant une masse appelée tumeur. Cette tumeur se développe dans la partie de l'utérus où se déroule la grossesse[15].

Les symptômes du cancer de l'endomètre les plus fréquents sont[16] :

- Des métrorragies : saignements vaginaux anormaux, notamment en dehors des menstruations et chez la femme ménopausée
- Des ménorragies : flux plus abondant que d'habitude pendant les règles avec du sang rouge et des caillots
- Des leucorrhées : pertes blanches ou rosées (révélant la présence de sang)
- Des douleurs pelviennes, abdominales
- De la fièvre
- Des infections urinaires.

I.5 Passage de séquence d'ARN en signal unidimensionnel

Le codage en vecteur "one-hot" est une méthode de représentation des séquences d'ADN ou ARN sous forme de signaux unidimensionnels. Dans ce type de codage, chaque caractère de la séquence est représenté par un vecteur binaire de taille fixe[17].

Plus spécifiquement, dans le cas du codage "one-hot" pour les séquences d'ARN, un dictionnaire de quatre caractères est utilisé : l'adénine (A), l'uracile (U), la guanine (G) et la cytosine (C). Chaque caractère est associé à un vecteur binaire unique[17].

Par exemple, si nous prenons la séquence "AUGC" serait encodée de la manière suivante :

A sera représenté par le vecteur [1, 0, 0, 0]

U sera représenté par le vecteur [0, 1, 0, 0]

G sera représenté par le vecteur [0, 0, 1, 0]

C sera représenté par le vecteur [0, 0, 0, 1]

Dans la Figure I.14**,** Chaque caractère de la séquence d'ARN, est converti en un vecteur binaire de taille fixe[18]. Chaque position dans le vecteur correspond à l'une des lettres possibles, et seule celle correspondant au caractère est définie à 1, tandis que toutes les autres positions sont définies à 0[19].

	C	G	A	U	A	A	C	C	G	A	U	A	U
A	0	0	1	0	1	1	0	0	0	1	0	1	0
C	1	0	0	0	0	0	1	1	0	0	0	0	0
G	0	1	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0
U	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	1	0	1

Figure I. 6: Example de codage 'one-hot' d'une séquence d'ARN "CGAUAACCGAUAU".

Ainsi, la séquence "AUGC" sera transformée en un signal unidimensionnel en concaténant les vecteurs correspondants : [1, 0, 0, 0, 0, 1, 0, 0, 0, 0, 0, 1, 0, 0, 0, 1][17].

La Figure I.15**,** illustre un exemple de concaténation des codages en vecteur "one-hot" des caractères d'une séquence d'ADN[17].Elle montre comment les vecteurs binaires

correspondant à chaque caractère de la séquence d'ADN sont combinés en un seul vecteur pour représenter l'ensemble de la séquence.

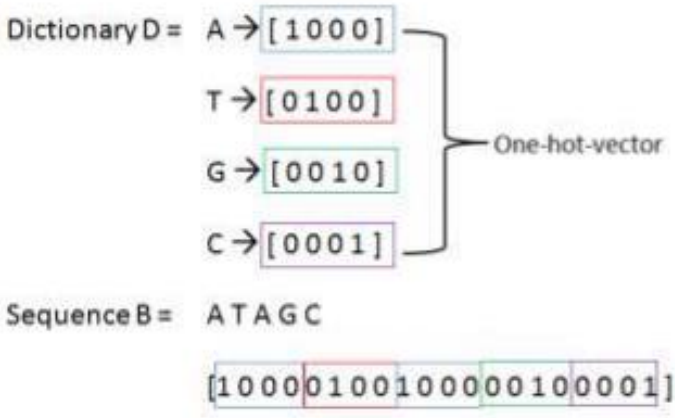


Figure I. 7: Concaténation des codages en vecteur 'one-hot' pour une séquence d'ADN.

Ce signal unidimensionnel permet de représenter une séquence d'ADN ou l'ARN sous forme d'un vecteur de nombres binaires. Cette représentation est utilisée dans diverses applications d'apprentissage automatique. La Figure I-16**,** illustre une visualisation réalisée à l'aide de MATLAB, qui présente un signal unidimensionnel utilisé pour représenter les séquences ARN associées à différents types de cancer. Cette représentation graphique permet de visualiser et d'analyser les caractéristiques spécifiques des séquences ARN propres à chaque type de cancer.

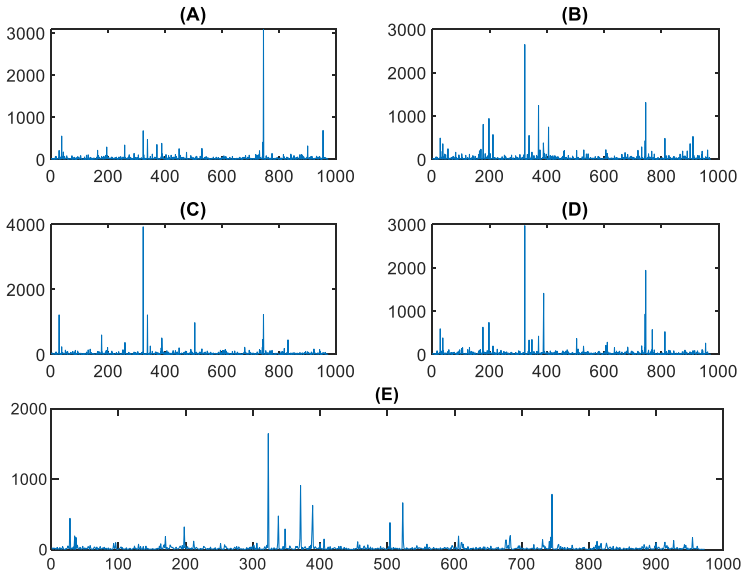


Figure I. 8: Représentation graphique d'un signal électrique du cancer basé sur la séquence ARN :(A) BRCA, (B) KIRC, (C) LUAD, (D) LUSC, (E) UCEC.

I.6- Classification des maladies de cancer à partir de séquence d'ARN

Chaque type de cancer a sa propre signature génétique unique, qui est déterminée par les mutations qui ont lieu dans les cellules cancéreuses. Ces signatures génétiques peuvent être utilisées pour identifier le type de cancer, ainsi que pour aider à guider les choix de traitement. Les signatures génétiques des cancers sont déterminées en utilisant des techniques d'analyse, telles que le séquençage de l'Arn, qui permettent d'identifier les mutations spécifiques présentes dans les cellules cancéreuses. En comparant les signatures génétiques des différents types de cancers on peut faire pour classification.

I .6.1 Gene signature

Les différents processus mutationnels génèrent souvent différentes combinaisons de types de mutations, appelées « signatures ». Jusqu'à récemment, les signatures mutationnelles dans le cancer humain ont été explorées à travers un petit nombre de gènes de cancer fréquemment mutés. Cette information concerne l'activité d'un groupe spécifique de gènes dans une cellule ou un tissu[20]. Dans le cas du cancer, les signatures génétiques peuvent indiquer la probabilité que certains types de cancer se développent et se propagent dans le corps, ainsi que la probabilité de récidive. Une signature génétique peut être utilisée pour aider au diagnostic de maladies telles que le cancer, planifier un traitement, évaluer son efficacité et établir un pronostic[21].

La Figure I.9, permet de visualiser et de comprendre les schémas de mutations spécifiques observés dans la signature 1. Les types de substitutions sont représentés sur l'axe des abscisses (X), tandis que les pourcentages de mutations attribuées à chaque type de substitution sont indiqués sur l'axe des ordonnées (Y)[21, 22].

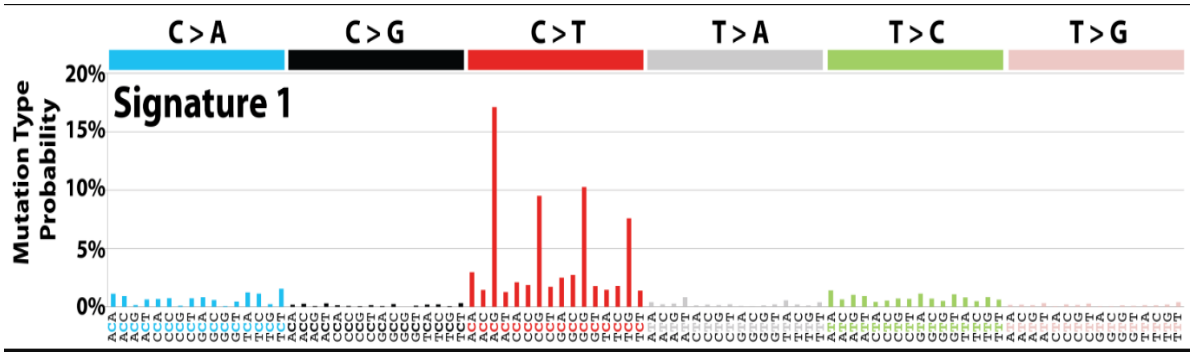


Figure I.9: le pourcentage des différentes mutations dans la signature 1[23].

- **Types de cancer :** La signature 1 a été trouvée dans tous les types de cancer et dans la plupart des échantillons de cancer.

- **Étiologie proposée :** La signature 1 est le résultat d'un processus mutationnel endogène initié par la désamination spontanée de la 5-méthylcytosine.
- **Caractéristiques mutationnelles supplémentaires :** La signature 1 est associée à un petit nombre de petites insertions et délétions dans la plupart des types de tissus.
- **Commentaires :** Le nombre de mutations Signature 1 est en corrélation avec l'âge du diagnostic de cancer[23].

La Figure I.10, permet de visualiser et de comprendre les schémas de mutations spécifiques observés dans la signature 3. Les types de substitutions sont représentés sur l'axe des abscisses (X), tandis que les pourcentages de mutations attribuées à chaque type de substitution sont indiqués sur l'axe des ordonnées (Y).

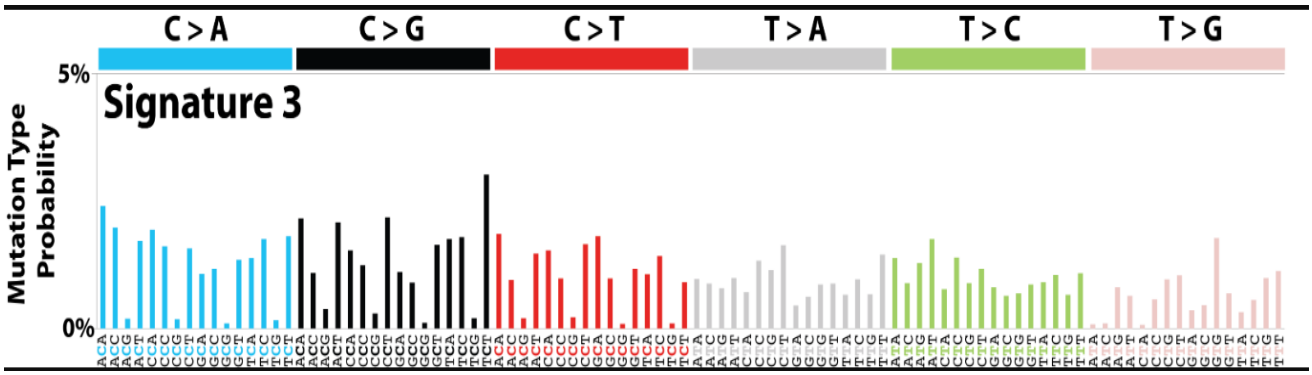


Figure I. 10: le pourcentage des différentes mutations dans la signature 3.

- **Types de cancer :** la signature 3 a été trouvée dans les cancers du sein, de l'ovaire et du pancréas.
- **Étiologie proposée :** la signature 3 est associée à l'échec de la réparation des cassures double brin de l'Adn par recombinaison homologue.
- **Caractéristiques mutationnelles supplémentaires :** la signature 3 s'associe fortement à un nombre élevé d'insertions et de suppressions importantes (plus de 3 pb) avec une micro homologie qui se chevauche aux jonctions des points de rupture.
- **Commentaires :** La signature 3 est fortement associée aux mutations germinales et somatiques BRCA1 et BRCA2 dans les cancers du sein, du pancréas et de l'ovaire. Dans le cancer du pancréas, les répondeurs à la thérapie à base de platine présentent généralement des mutations Signature 3[23].

La Figure I.11, permet de visualiser et de comprendre les schémas de mutations spécifiques observés dans la signature 4. Les types de substitutions sont représentés sur l'axe

des abscisses (X), tandis que les pourcentages de mutations attribuées à chaque type de substitution sont indiqués sur l'axe des ordonnées (Y)[22].

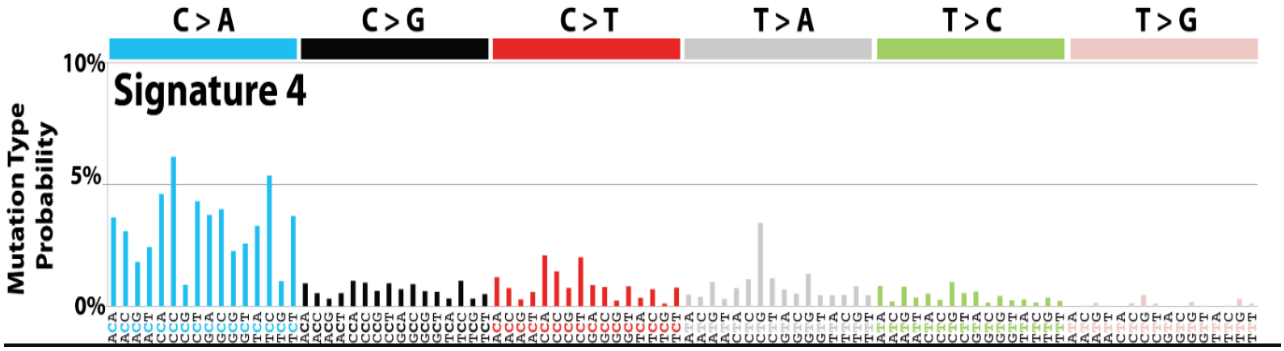


Figure I. 11: le pourcentage des différentes mutations dans la signature 4[23].

- **Types de cancer :** La signature 4 a été trouvée dans le cancer de la tête et du cou, le cancer du foie, l'adénocarcinome pulmonaire, le carcinome épidermoïde pulmonaire, le carcinome pulmonaire à petites cellules et le cancer de l'œsophage.
- **Étiologie proposée :** la signature 4 est associée au tabagisme et son profil est similaire au schéma mutationnel observé dans les systèmes expérimentaux exposés aux carcinogènes du tabac. La signature 4 est probablement due aux mutagènes du tabac.
- **Caractéristiques mutationnelles supplémentaires :** la signature 4 présente un biais de brin transcriptionnel pour les mutations C> A, compatible avec la notion selon laquelle les dommages à la guanine sont réparés par la réparation par excision de nucléotide couplée à la transcription. La signature 4 est également associée à des substitutions de dinucléotides CC>AA.
- **Commentaires :** La signature 29 se retrouve dans les cancers associés à la mastication du tabac et semble différente de la signature 4[23].

I.6.2 Les contributions des signatures mutationnelles aux cancers individuels de types de cancer sélectionnés

La Figure I.12 , présente de manière visuelle les différentes signatures mutationnelles qui contribuent à certains types de cancer[20].

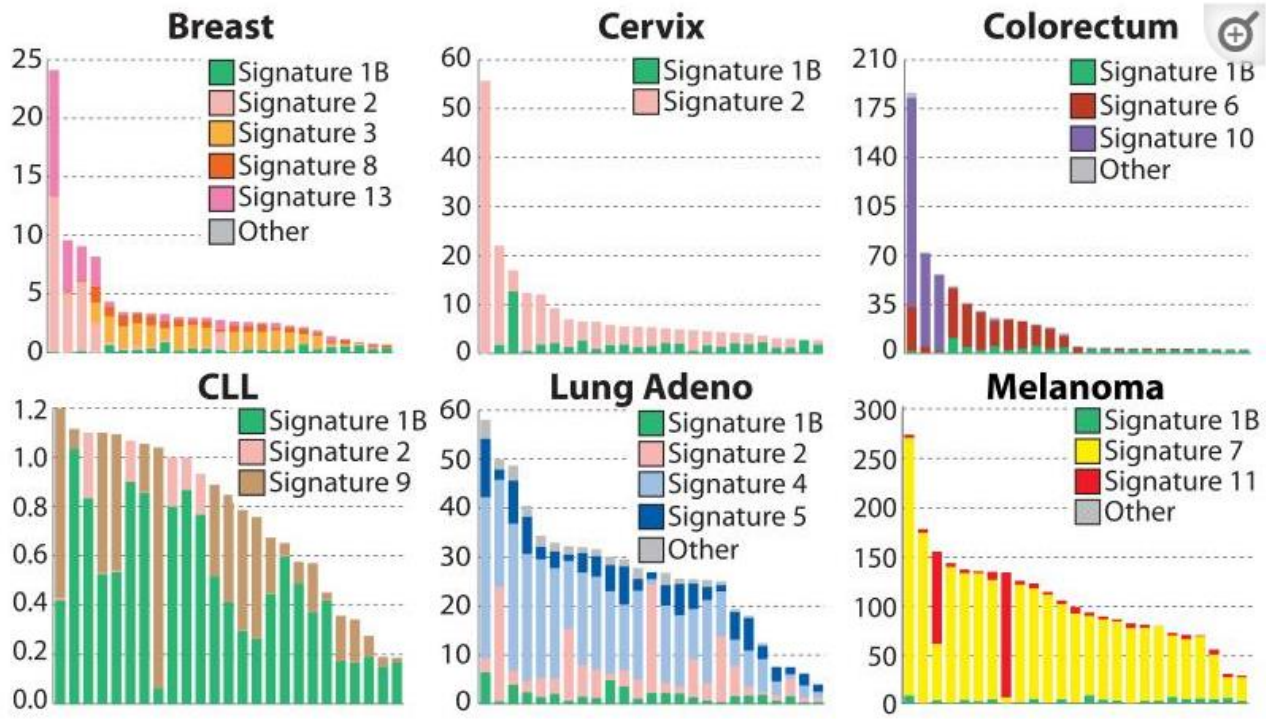


Figure I. 12:la classification de certains types de cancer par leurs signatures[20].

I.7 Conclusion

Ce chapitre a offert une compréhension des aspects fondamentaux du cancer, mettant en évidence l'importance cruciale des séquences d'ARN dans le diagnostic et la classification de cette maladie. De plus, nous avons exploré comment ces séquences peuvent être transformées en signaux unidimensionnels.

Dans le prochain chapitre, nous allons approfondir nos connaissances sur les techniques d'apprentissage profond.

Chapitre II : Intelligence Artificielle et Internet des Objets

II.1-Introduction

L'Intelligence Artificielle (AI) a connu des développements spectaculaires ces dernières années, notamment grâce à l'émergence de l'apprentissage profond. Cette technique d'apprentissage automatique utilise des réseaux de neurones artificiels pour analyser des données massives et complexes, et ainsi apprendre à reconnaître des motifs et à prendre des décisions avec une précision accrue[24]. L'apprentissage profond est devenu un outil clé pour de nombreuses applications d'Ai, en particulier dans le domaine de la santé[25].

Dans ce chapitre, nous explorerons les techniques de traitement de signal telles que la DCT, le TEO, la transformée de Hilbert et la FFT, ainsi que l'application de l'AI et de l'apprentissage automatique pour extraire des informations à partir de données brutes. Nous examinerons également l'apprentissage profond et les réseaux de neurones, ainsi que leur utilisation dans des applications de l'industrie et de la recherche. Enfin, nous discuterons de l'impact de l'IOT sur l'analyse des données en temps réel et les perspectives futures de cette technologie.

II.2-Prétraitement des signaux

Le prétraitement des signaux consiste à améliorer la qualité globale d'un signal. Cela implique l'utilisation de fonctions et d'applications intégrées pour éliminer les artefacts indésirables et nettoyer les signaux avant d'appliquer des techniques d'apprentissage profond. De plus, le prétraitement des signaux permet d'extraire des caractéristiques spécifiques au domaine d'intérêt, ce qui permet de réduire la dimensionnalité des données pour faciliter l'apprentissage des modèles de Deep Learning[26]. Des techniques d'extraction automatique de caractéristiques peuvent également être utilisées pour identifier les caractéristiques à faible variance des signaux et les utiliser dans l'apprentissage de réseaux profonds[26]. Il existe différentes méthodes qui peuvent être utilisées pour le prétraitement des signaux, telles que :

II.2.1-Transformée en cosinus discrète (DCT)

La DCT (Transformée en Cosinus Discrète) est une méthode qui permet de transformer un ensemble de points d'un domaine spatial en une représentation équivalente dans le domaine fréquentiel. Elle suit le modèle de la transformation de Fourier, permettant ainsi de passer d'une description temporelle à une description fréquentielle des signaux[27]. Il existe deux principaux types de DCT, se déclinent comme suit :

II.2.1.1-DCT-1D

La définition la plus courante de la DCT d'une séquence unidimensionnelle de longueur N est :

$$F(u) = \alpha(u) \sum_{i=0}^{N-1} f(i) cos \left[\frac{\pi(2i+1)u}{2N} \right] \quad \text{II.1}$$

Avec u=1, 2,……..,N-1, et :

$$\alpha \begin{cases} \sqrt{\frac{1}{N}} pour\ u = 0 \\ \sqrt{\frac{2}{N}} pour\ u = 1 \end{cases} \quad \text{II.2}$$

La transformation inverse de la DCT -1D est définie comme :

$$f(i) = \sum_{i=0}^{N-1} \alpha(u) F(u) \cos \left[\frac{\pi(2i+1)u}{2N} \right] \quad \text{II.3}$$

On déduit d'après 1 et 2 que pour u=0 :

$$F(u=0) = \sqrt{\frac{1}{N}} \sum_{i=0}^{N-1} f(i) \quad \text{II.4}$$

Ainsi, le premier coefficient de transformation est la valeur moyenne de la séquence d'échantillons. Dans la littérature, cette valeur est appelée le coefficient DC. Tous les autres coefficients de transformation sont appelés les coefficients AC, qui représentent les amplitudes des fréquences spatiales.

Le graphique de II.1 Pour N = 8 et des valeurs variables de i est représenté dans la Figure II.1. Selon notre observation précédente, le premier signal au-dessus-gauche (u = 0) rend une valeur constante (DC), tandis que tous les autres signaux (u = 1,2,7...) Donnent des signaux à des fréquences progressivement croissantes [28].

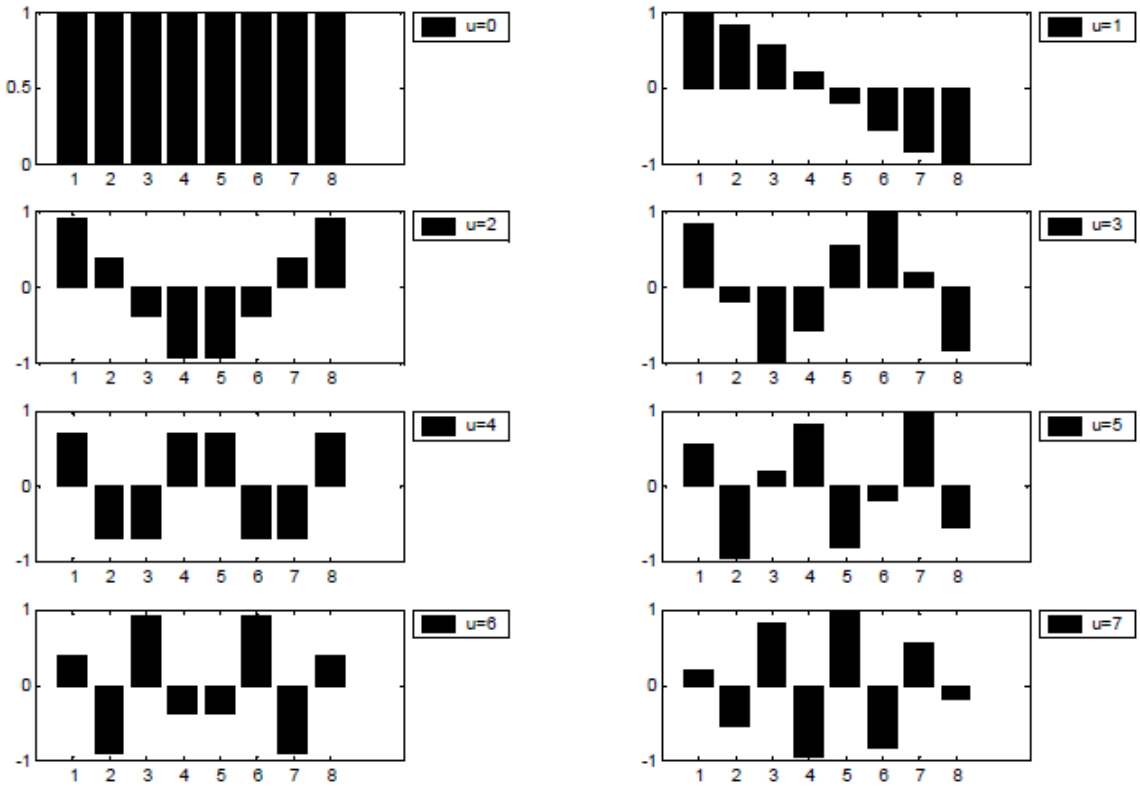


Figure II. 1: Fonction de base de cosinus à une dimension (N=8).

II.2.1.2 DCT-2D

La DCT-1D est utilisée en traitement des signaux unidimensionnels tels que les signaux de la parole. Pour l'analyse des signaux bidimensionnels comme les images, on a besoin d'une version 2D de la DCT[28].

La DCT-2D est effectuée sur une matrice carrée N*N de pixels et donne une matrice carrée N*N de coefficients fréquentielles. Comme pour la DCT-1 l'élément (0,0) est appelé la composante DC et les autres éléments sont les composantes AC[28]

Par convention, les 64 valeurs transformées (de chaque bloc de 8*8) sont positionnées d'une certaine manière, ainsi la valeur moyenne de tous ces coefficients est placée en haut à gauche de ce bloc. plus on s'éloigne des coefficients continus plus leur grandeur tendent à diminuer, ce qui signifie que la DCT concentre l'énergie d'images en haut à gauche de la matrice transformée, les coefficients en bas et à droite de cette matrice contiennent moi d'informations utiles .[28]

L'équation direct de la DCT-2D est :

$$F(u, v) = \alpha(u)\alpha(v)\sum_{i=0}^{N-1}\sum_{j=0}^{N-1} f(i,j)\cos\left[\frac{\pi(2i+1)u}{2N}\right]\cos\left[\frac{\pi(2j+1)v}{2N}\right] \quad \text{II.5}$$

Ou v, u = 0,1, 2, ..., N-1 sont des indices de fréquences spatiales dans la direction horizontale et verticale de l'image, et α(k) et α(m) sont définis dans (II.2)

- f(i,j) représente la valeur d'un pixel de l'image initiale pour i et j donnés .
- F(u,v) représente les coefficients de la DCT .
- N représente la taille du bloc.

L'équation inverse de la DCT-2D est :

$$F(i,j) = \sum_{u=0}^{N-1}\sum_{v=0}^{N-1} \alpha(u)\alpha(v) f(u,v)\cos\left[\frac{\pi(2i+1)u}{2N}\right] cos\left[\frac{\pi(2j+1)v}{2N}\right] \quad \text{II.6}$$

Avec i,j =0,1,2,3,……..,N-1.

Dans le cas d'un bloc de taille 8*8, l'espace transformé correspondant est représenté par une fonction de base de 64. Cette fonction est illustrée dans la Figure II.2. Les fonctions situées dans le coin supérieur gauche représentent les basses fréquences de la transformée, tandis que les fréquences spatiales augmentent au fur et à mesure que l'on se déplace vers le coin inférieur droit du bloc [28].

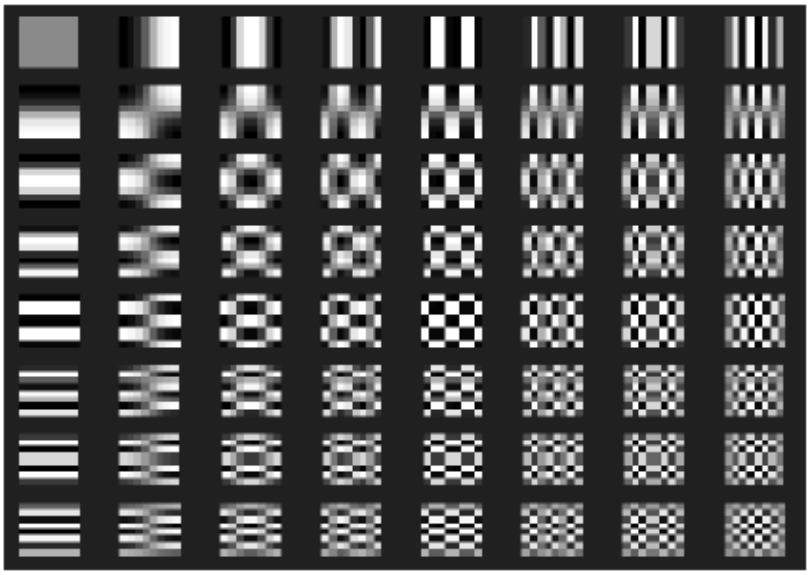


Figure II. 2: Fonctions de base DCT bidimensionnelles (N = 8). Le gris neutre représente zéro, le blanc représente des amplitudes positives et le noir représente une amplitude négative.

La Figure II.3, permet ainsi de visualiser les modifications du signal électrique après l'application de la méthode DCT. En haut de la figure, on a un signal électrique unidimentionel représenté graphiquement. En bas de la figure, vous pouvez voir le même signal électrique après l'application de la méthode DCT (Discrete Cosine Transform) signal original,, en utilisant MATLAB.

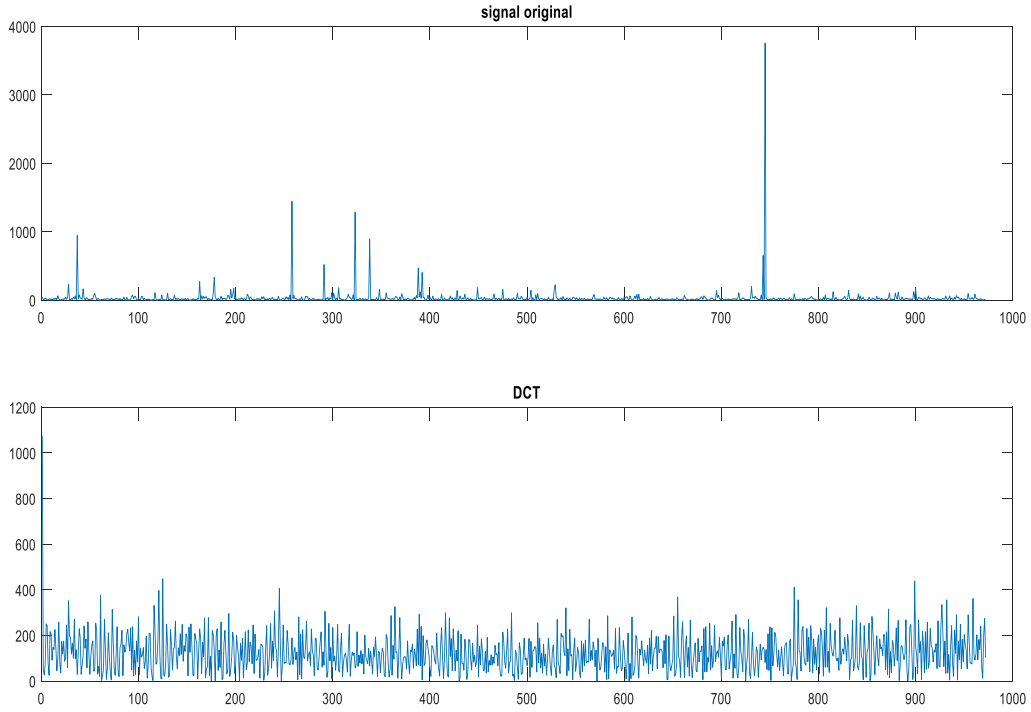


Figure II. 3: Analyse comparative d'un signal électrique brut et sa transformation par la méthode DCT.

II.2.2 Hilbert

La transformation de Hilbert qui est, au signe près, la convolution par 1/πt possède la propriété intéressante de transformer un retard pur en une branche hyperbolique d'asymptote verticale plus facile à localiser que le maximum de l'intercorrélation entrée-sortie. En effet, reprenant la fonction de transfert de propagation sous la forme écrite en(5bis), sa transformée de Hilbert sera simplement [29] :

$$H[g(t)] = g(t)*\frac{1}{\pi t} = \frac{1}{\pi}\int_{-\infty}^{\infty}\frac{g(\tau)}{t-\tau}\mathrm{d}\,\tau = \frac{1}{\pi}\int_{-\infty}^{\infty}\frac{g(t-\tau)}{\tau}\,\mathrm{d}\,\tau \qquad \text{II.7}$$

La transformation de Hilbert de g(t) est la convolution de g(t) avec le signale $\frac{1}{\pi t}$. C'est la réponse à g(t) d'un filtre linéaire invariant dans le temps (appelé transformateur de Hilbert) ayant une réponse impulsionnelle de 1/πt[30].

On voit que la valeur principale de Cauchy est obtenue en considérant une plage finie d'intégration qui est symétrique par rapport au point de singularité, mais qui exclut un sous-intervalle symétrique, en prenant la limite de l'intégrale lorsque la longueur de l'intervalle approche de l'infini, tout en faisant approcher simultanément la longueur de l'intervalle exclu de zéro. Désormais, chaque fois que nous écrivons une intégrale comme dans (1), nous entendons la valeur principale de Cauchy de cette intégrale (lorsqu'elle existe) [30].

La Figure II.4**,** permet ainsi de visualiser les modifications du signal électrique après l'application de la méthode d'Hilbert. En haut de la figure, on a un signal électrique unidimentionel représenté graphiquement. En bas de la figure, vous pouvez voir le même signal électrique après l'application de la méthode d'Hilbert sur le signal original, en utilisant MATLAB.

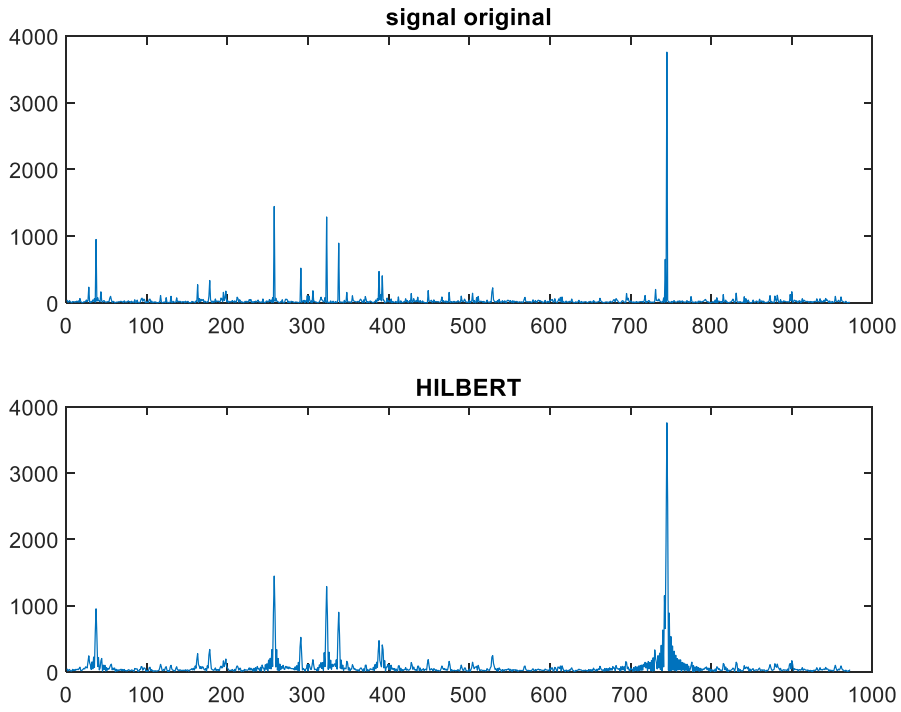


Figure II. 4: Analyse comparative entre le signal électrique d'origine et sa transformation par la méthode d'Hilbert.

II.2.3 L'opérateur d'énergie de Teager-Kaiser (TEO)

L'opérateur de Teager-Kaiser est une technique utilisée pour extraire l'information d'un signal dont les caractéristiques varient rapidement au cours du temps. Contrairement aux

méthodes classiques qui se basent sur l'information véhiculée par le signal, l'opérateur de Teager-Kaiser se base sur l'énergie requise pour générer le signal. Cet opérateur est capable d'estimer l'amplitude et la fréquence instantanées d'un signal à partir d'une fonction ou de seulement trois occurrences d'une série de valeurs [31].

L'opérateur de Teager-Kaiser est différentiel et non-linéaire, ce qui peut poser des difficultés, notamment la positivité de sa sortie et la sensibilité au bruit. Pour répondre à ces difficultés, les auteurs proposent des critères pour cibler les signaux adaptés à l'opérateur et une version revisitée de l'opérateur qui prend en compte le pas de discrétisation et permet une démodulation plus précise des signaux. De plus, ils ont développé une méthode de détection de signaux faibles dans un environnement fortement bruité en se basant sur les caractéristiques statistiques du bruit [31].

L'équation de TEO est définie comme suit [32]:

Pour un signal continu x(t) :

$$\psi[x(t)] = [x''(t)]^2 - x'(t)x'''(t)] \quad \text{II.8}$$

Pour un signal discret x[n] :

$$\psi[x(n)] = [x[n]]^2 - [x[n-1] - x[n+1] \quad \text{II.9}$$

La Figure II.5**,** permet ainsi de visualiser les modifications du signal électrique après l'application de L'opérateur d'énergie de Teager-Kaiser (TEO)**. En** haut de la figure, on a un signal électrique unidimentionel représenté graphiquement. En bas de la figure, vous pouvez voir le même signal électrique après l'application de TEO sur le signal original, en utilisant MATLAB.

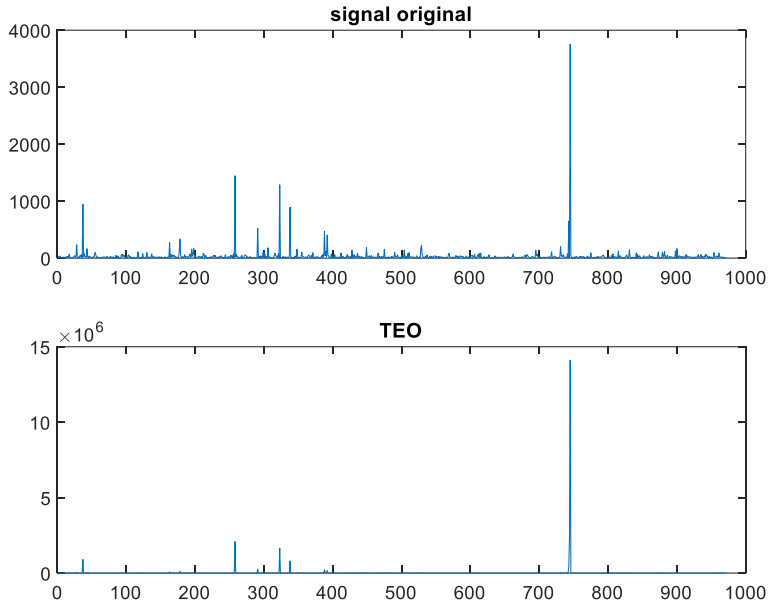


Figure II. 5: Analyse comparative entre le signal électrique d'origine et sa transformation par la méthode TEO.

II.2.4 La Transformée de Fourier Rapide (FFT)

La Transformée de Fourier Rapide (FFT) est une technique de calcul de la Transformée de Fourier discrète (TFD) qui permet de réduire le nombre d'opérations nécessaires, notamment le nombre de multiplications. Cependant, il est important de noter que la réduction du nombre d'opérations ne garantit pas une réduction du temps d'exécution, qui dépend de l'architecture du processeur utilisé. Pour calculer une TFD, il est nécessaire de déterminer N valeurs de X(k), ce qui peut être réalisé à l'aide de l'équation correspondante [4].

$$X(k) = \sum_{n=0}^{N-1} x(n) e^{-2j\pi \frac{nk}{N}} \qquad \text{II.9}$$

Et ceci pour $k \in [0, N-1]$.

Si on effectue le calcul directement sans algorithme efficace[4], on doit effectuer :

$$\begin{cases} N^2 & \text{multiplications complexes} \\ N(N-1) & \text{additions complexes} \end{cases}$$

Il existe différents algorithmes de FFT. Le plus connu est sûrement celui de Cooley-Tukey (appelé aussi à entrelacement temporel ou à « décimation in time ») qui réduit à :

$\frac{N}{2}\log_2(N)$ le nombre de multiplications.

La Figure II.6 , permet ainsi de visualiser les modifications du signal électrique après l'application de la méthode FFT (Transformée de Fourier Rapide),.En haut de la figure, on a un signal électrique unidimentionel représenté graphiquement. En bas de la figure, vous pouvez voir le même signal électrique après l'application de la méthode FFT sur le signal original, en utilisant MATLAB.

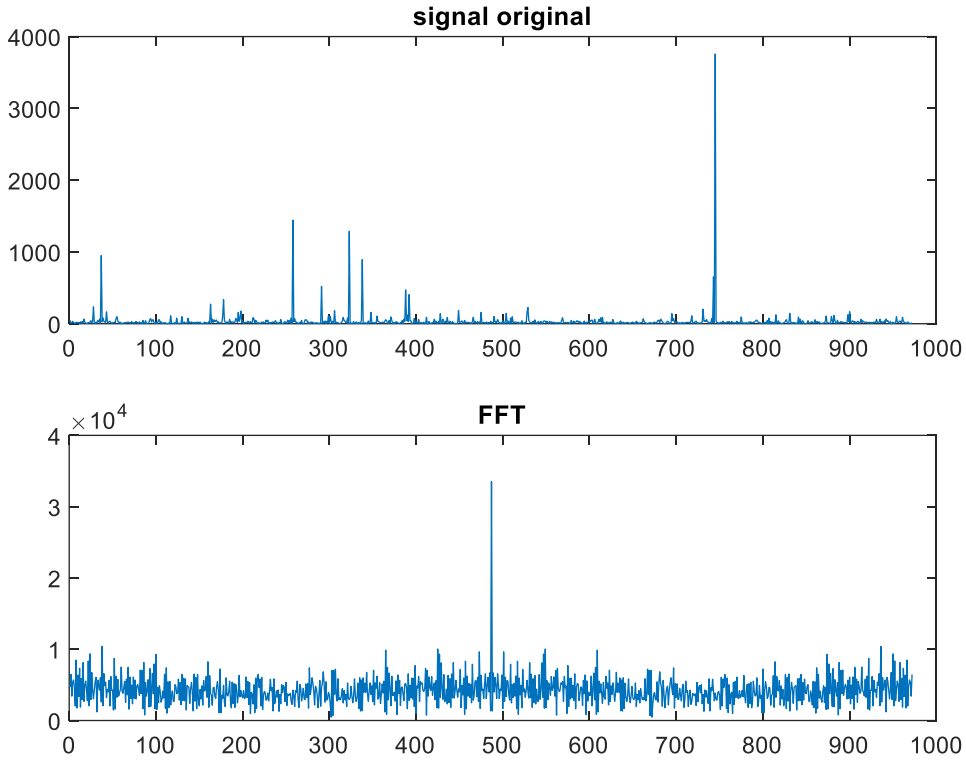


Figure II. 6: Analyse comparative entre le signal électrique d'origine et sa transformation par la méthode FFT.

II.3 L'intelligence artificielle

L'intelligence artificielle (IA) est un domaine de la science qui cherche à créer des machines intelligentes qui peuvent résoudre des problèmes de manière autonome en utilisant un raisonnement[33]. L'objectif de IA est de rendre les machines aussi intelligentes que les êtres humains. Les machines dotées d'IA peuvent effectuer des tâches complexes telles que la reconnaissance vocale, la reconnaissance d'images, la traduction de langues et la prise de décisions[6] .

Pour comprendre comment fonctionne l'IA, il est important de comprendre que les machines utilisent des algorithmes pour prendre des décisions. Ces algorithmes sont des instructions que les machines suivent pour effectuer une tâche. Les algorithmes utilisés dans l'IA sont souvent basés sur des modèles mathématiques et statistiques [6].

Il existe plusieurs types d'IA, y compris l'IA faible et l'IA forte. L'IA faible est conçue pour effectuer des tâches spécifiques, telles que la reconnaissance vocale ou la reconnaissance d'images. L'IA forte, en revanche, est conçue pour effectuer des tâches générales, telles que la résolution de problèmes complexes [33] .

Les applications de l'IA sont nombreuses et diverses. Les machines dotées d'IA sont utilisées dans l'industrie, la finance, la médecine, la sécurité et bien d'autres domaines. Par exemple, l'IA est utilisée pour aider les médecins à diagnostiquer les maladies, pour améliorer la sécurité dans les aéroports et pour aider les entreprises à prendre des décisions commerciales éclairées[34].

Malgré les nombreux avantages de l'IA, il est important de noter que cette technologie soulève également des préoccupations éthiques et sociales. Certaines personnes craignent que l'IA ne soit utilisée à des fins malveillantes, ou que cette technologie ne remplace les emplois humains. Il est donc important que nous utilisions l'IA de manière responsable et réfléchie, en considérant les conséquences de nos actions sur la société dans son ensemble [6].

La Figure II.7 est une illustration conçue pour aider à comprendre la relation entre l'intelligence artificielle et ses deux sous-domaines : l'apprentissage automatique et l'apprentissage en profondeur.

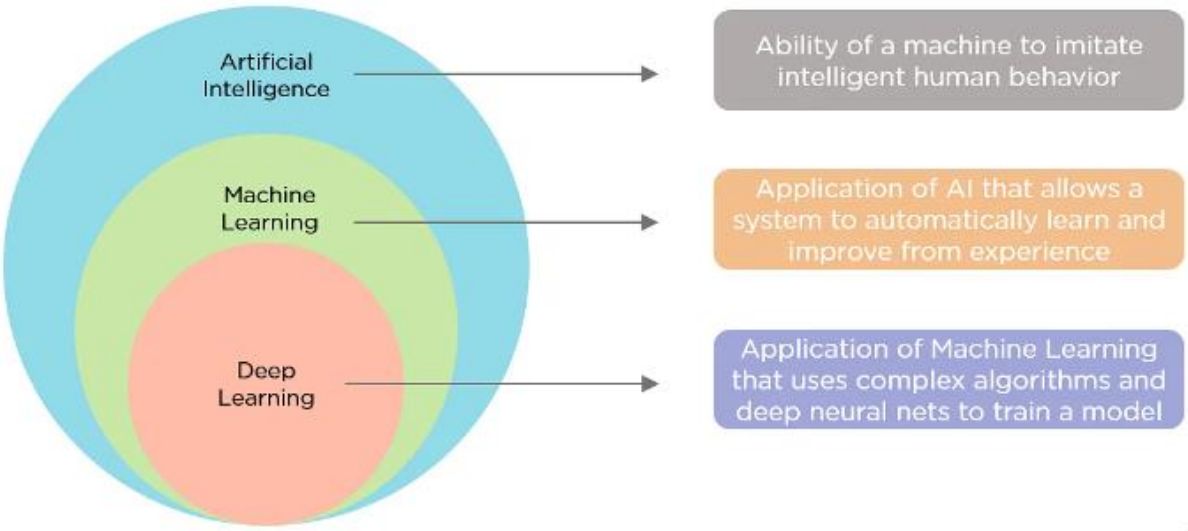


Figure II. 7: Illustration de l'intelligence artificielle et ses sous domaine [7].

II.4-L'apprentissage automatique

L'apprentissage automatique (Machine Learning, ML) est un domaine de l'intelligence artificielle qui permet aux systèmes informatiques d'apprendre à partir de données, comme le font les humains, sans être explicitement programmés. Les algorithmes de machine Learning sont conçus pour analyser de grandes quantités de données, identifier des modèles et utiliser ces modèles pour faire des prédictions ou prendre des décisions sans intervention humaine[33].

Ce processus est itératif, ce qui signifie que les algorithmes apprennent continuellement et améliorent leur précision au fil du temps à mesure qu'ils sont alimentés en données supplémentaires. Le machine Learning est devenu de plus en plus populaire ces dernières années grâce aux avancées dans le stockage de données, la puissance de traitement et le développement d'algorithmes, et il a des applications dans de nombreux domaines tels que la finance, la santé et les transports[7].

L'apprentissage automatique comprend deux domaines principaux : l'apprentissage supervisé et l'apprentissage non supervisé. L'apprentissage par renforcement représente également une partie de l'apprentissage automatique. Ces différents domaines sont utilisés en fonction des types de données disponibles et des objectifs de l'analyse des données[33].

II.4.1-L'apprentissage supervisé

Le machine Learning supervisé consiste en l'utilisation d'un modèle capable de prédire la relation entre les données d'entrée (caractéristiques) et les résultats connus (étiquettes), en travaillant avec des ensembles de données étiquetées (c'est-à-dire des données pour lesquelles la réponse cible est déjà connue) [7].

En d'autres termes, il s'agit de trouver une fonction de mappage entre une variable d'entrée (x) et une variable de sortie (y) à l'aide d'un algorithme d'apprentissage. Cette méthode permet aux systèmes d'utiliser des données passées pour prédire des résultats futurs.

Dans la Figure II.8, nous avons des images étiquetées "cuillère" ou "couteau". Ces données sont utilisées pour entraîner une machine à reconnaître les caractéristiques distinctives de chaque objet, telles que la forme, la taille et la netteté. Une fois que la machine a appris à associer ces caractéristiques aux étiquettes correspondantes, elle est en mesure de prédire avec précision si une nouvelle image représente une cuillère ou un couteau, même si elle n'a pas d'étiquette [35].

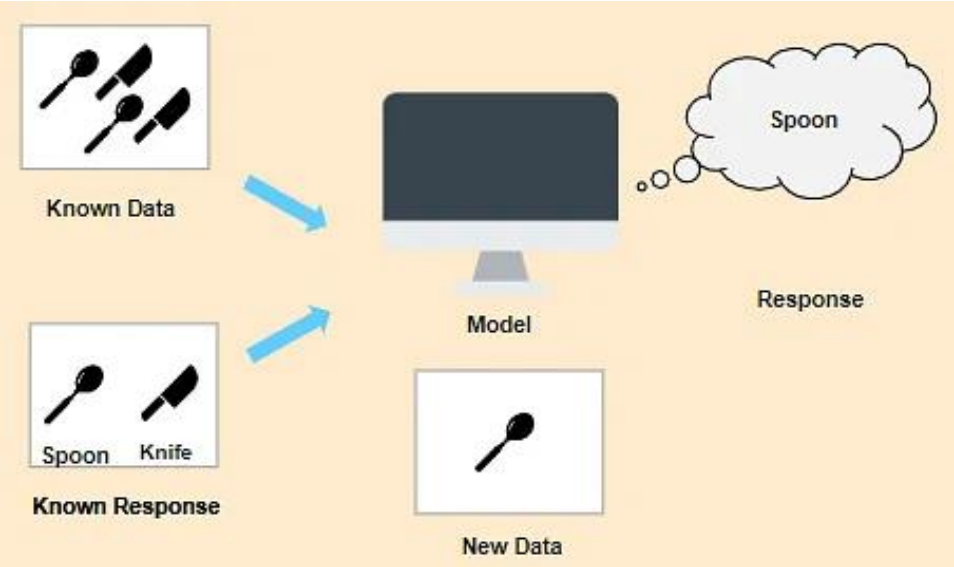


Figure II. 8: Entraînement d'une machine à reconnaître des objets à partir de données étiquetées.

L'apprentissage supervisé peut être divisé en deux types : Régression et Classification.

II.4.1.1 Régression

En régression, l'objectif est de prédire la valeur d'une variable continue, c'est-à-dire une variable qui peut prendre une infinité de valeurs.

Dans la Figure II.9, on peut voir un exemple d'apprentissage par régression où l'on cherche à prédire le prix d'un appartement (y) en fonction de sa surface habitable (x) [36].

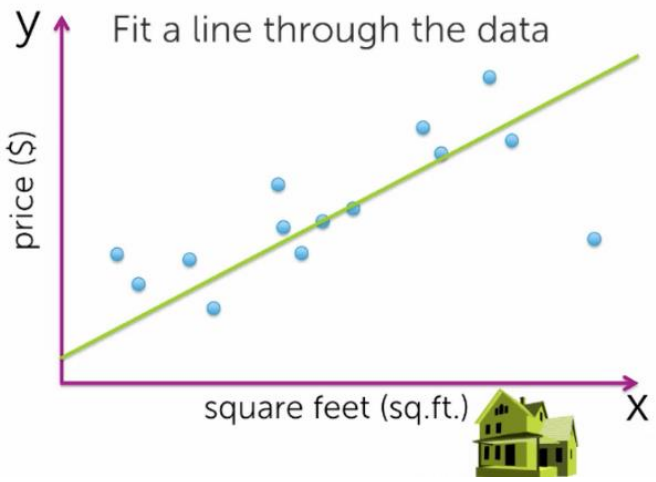


Figure II. 9:prédiction du prix d'un appartement en fonction de sa surface habitable [32].

II.4.1.2 Classification

En classification, l'objectif est de classer un objet dans différentes classes (catégories), ce qui revient à prédire la valeur d'une variable discrète prenant un nombre fini de valeurs.

La Figure II.10 présente un exemple de classification utilisé pour prédire si une tumeur est maligne (y=1) ou bénigne (y=0), en fonction de deux variables : la taille de la tumeur (x1) et l'âge du patient (x2) [37].

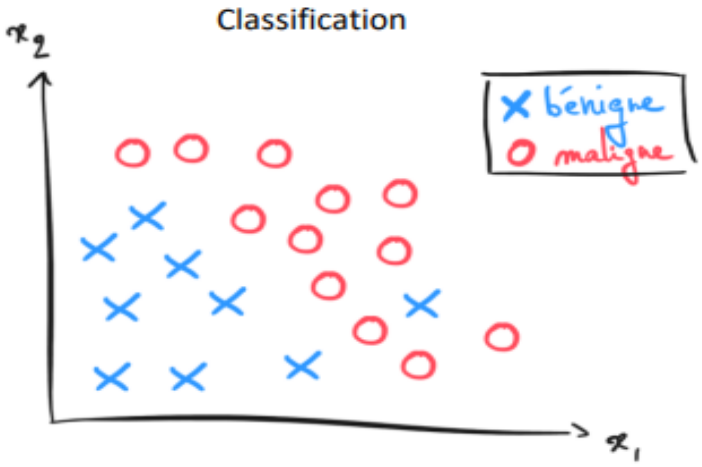


Figure II. 10: Classification des tumeurs bénignes et malignes selon la taille et de l'âge [10]..

II.4.2 L'apprentissage non supervisé

Lors de l'apprentissage non supervisé, la machine s'appuie sur des données non étiquetées pour apprendre sans aucune supervision. Elle cherche à identifier des modèles dans ces données pour fournir une réponse.

Dans la Figure II.11, nous avons des images représentant des "cuillères" ou des "couteaux". Mais nous ne spécifions pas à la machine s'il s'agit d'une cuillère ou d'un couteau. Au lieu de cela, la machine identifie des motifs à partir de l'ensemble de données et les regroupe en fonction de leurs similitudes, leurs motifs, etc[35, 37].

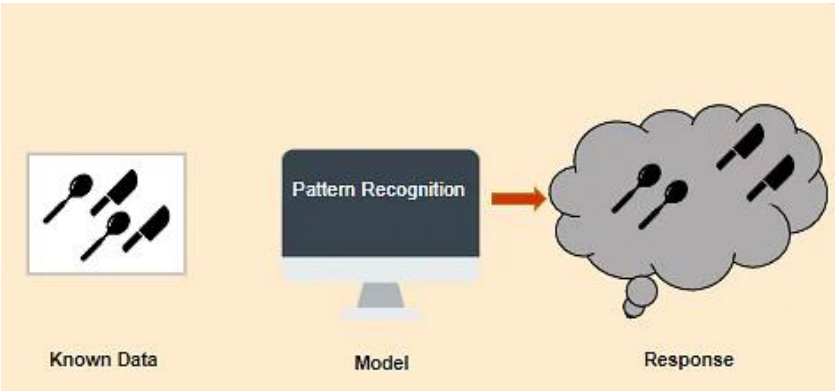


Figure II. 11: Classification d'images basée sur des motifs sans supervision.

II.4.2.1 Clustering

Le clustering consiste à regrouper un ensemble d'objets en groupes homogènes appelés clusters, c'est-à-dire similaires entre eux, et qui diffèrent des objets appartenant à d'autres clusters[37].

Sur le côté droit de la Figure II.12, vous pouvez voir un graphique où les clients sont regroupés. Les clients du groupe A utilisent plus de données et ont également une durée d'appel élevée. Les clients du groupe B sont des utilisateurs intensifs d'Internet, tandis que les clients du groupe C ont une durée d'appel élevée. Ainsi, le groupe B bénéficiera de plans offrant plus de données, tandis que le groupe C bénéficiera de tarifs d'appel moins chers et le groupe A bénéficiera des avantages des deux plans [35, 37] .



Figure II. 12: Analyse de groupe pour optimiser la rétention de clients dans une entreprise de télécommunications [33].

II.4.2.2 L'association

L'association est un apprentissage automatique basé sur des règles visant à découvrir la probabilité de la co-occurrence d'éléments dans une collection[37].

Dans la Figure II.13, on observe un client qui se rend dans un supermarché pour y acheter du pain, du lait, des fruits et du blé. Un autre client fait également des achats et choisit du pain, du lait, du riz et du beurre. D'après les comportements observés, il est fort probable que si un autre client arrive et achète du pain, il achètera également du lait. Ces observations permettent d'établir des relations entre les comportements des clients et de formuler des recommandations [37].

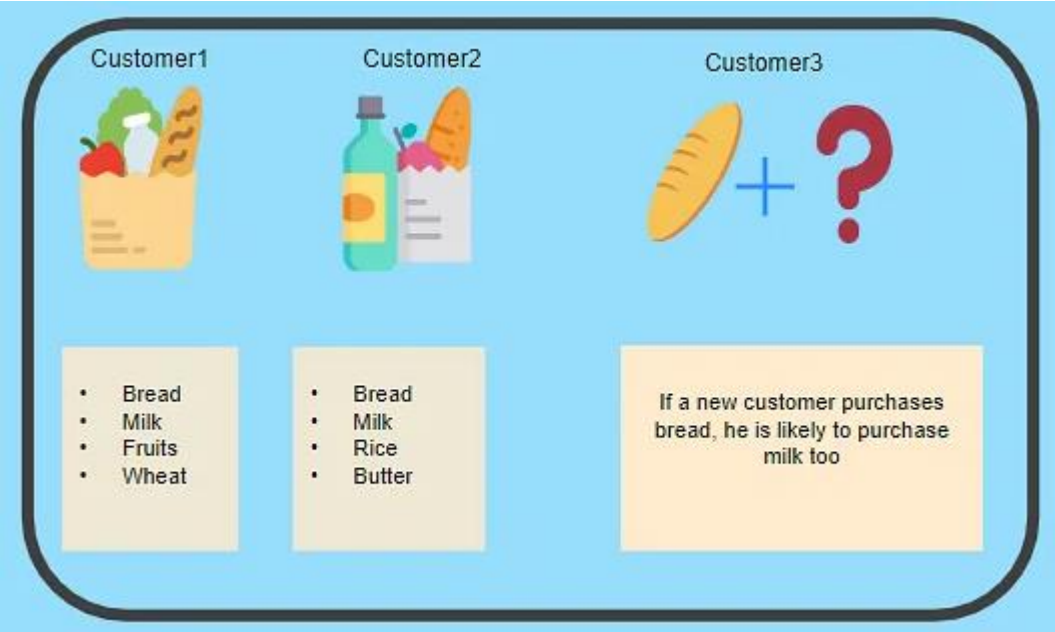


Figure II. 13: Observations des comportements d'achat des clients dans un supermarché pour établir des relations entre leurs comportements.

II.5 l'apprentissage profond

II.5.1 Définition de l'apprentissage profond

L'apprentissage profond, également connu sous le nom de Deep Learning en anglais, est un sous-domaine de l'apprentissage automatique qui se base principalement sur l'utilisation de réseaux de neurones. En utilisant une combinaison de couches de "neurones artificiels" et de fonctions d'activation non linéaires, cette architecture est capable d'approximer n'importe quelle fonction non linéaire continue. Les "poids" des neurones déterminent les paramètres de ces fonctions, et ils sont ajustés par un processus d'optimisation à l'aide d'une fonction de coût et de la descente de gradient[38] .

Le Deep Learning utilise des méthodes d'apprentissage similaires à celles de l'apprentissage automatique (supervisé, non supervisé). L'un des avantages de cette technique réside dans sa capacité à apprendre automatiquement les caractéristiques des données (voir Figure II.14). En effet, dans les méthodes classiques d'apprentissage automatique, il est souvent nécessaire d'extraire manuellement les caractéristiques pertinentes d'un jeu de données avant de pouvoir entraîner un système. Cette tâche peut être longue et exige une connaissance approfondie des données. En revanche, le Deep Learning est capable d'extraire automatiquement les caractéristiques importantes pour parvenir au résultat final[39].

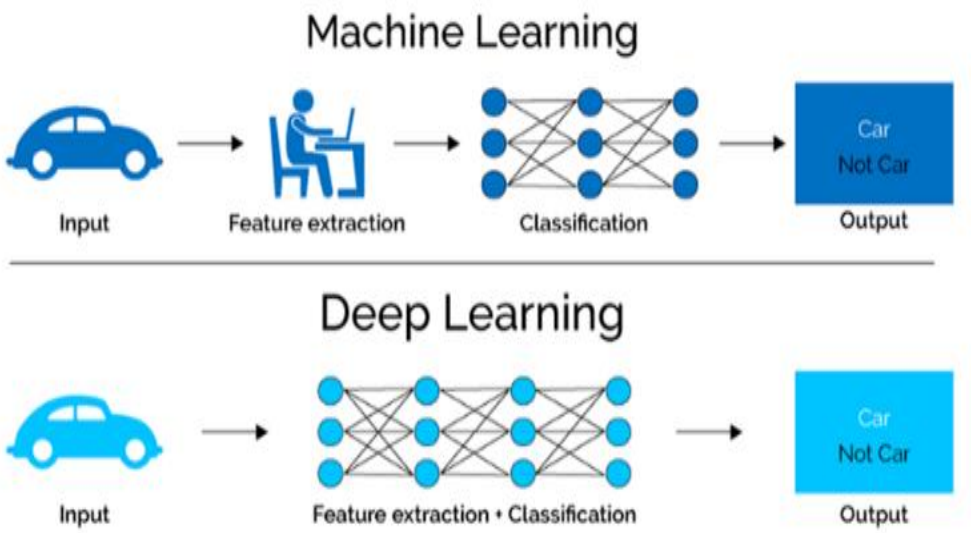


Figure II. 14: Machine Learning vs Deep Learning.

II.5.2 l'utilité d'apprentissage profond

L'apprentissage profond a gagné en popularité récemment en raison de sa capacité à résoudre des problèmes complexes dans différents domaines. Voici quelques exemples qui illustrent l'utilité de cette approche :

- Les fonctionnalités conçues manuellement sont souvent surspécifiées, incomplètes et prennent beaucoup de temps à concevoir et à valider.
- Les fonctionnalités apprises sont faciles à adapter, rapides à apprendre.
- L'apprentissage profond fournit un cadre très souple, universel Et pouvant être appris pour représenter des informations mondiales, visuelles et linguistiques.
- Peut apprendre à la fois sans surveillance et sous surveillance.
- Apprentissage efficace du système conjoint de bout en bout.
- L'utilisation de grandes quantités de données d'entraînement [14].

II.5.3 Méthodes d'apprentissage

Les algorithmes d'apprentissage profond se divisent en deux types principaux, l'apprentissage supervisé et l'apprentissage non supervisé.

- **Apprentissage supervisé :** Grâce à ce type d'apprentissage, le système peut acquérir la capacité d'accomplir diverses tâches en étudiant de multiples exemples. Par exemple, en lui présentant des millions de photos ou d'objets, le système peut apprendre à les reconnaître avec précision[40].

Ce processus d'apprentissage est comparable à celui d'un étudiant préparant un examen ou un concours. En s'appuyant sur ses connaissances antérieures, l'étudiant s'efforce de fournir la bonne réponse lors de l'examen. De manière similaire, le système d'apprentissage s'appuie sur les exemples et les informations qu'il a accumulés pour effectuer au mieux les tâches qui lui sont assignées[40].
La Figure II.15 illustre l'apprentissage supervisé, où les données d'entraînement fournies à notre système contiennent des solutions.

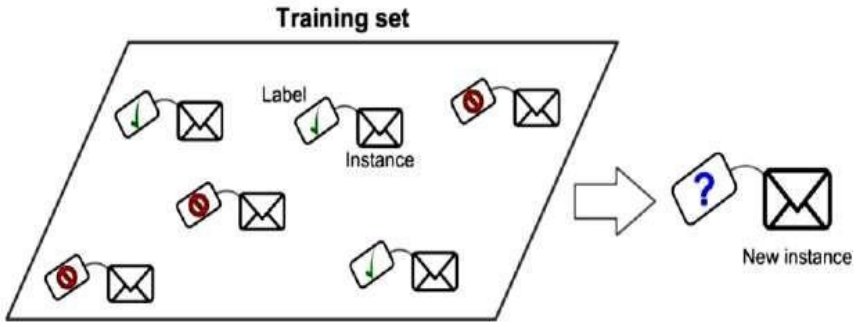


Figure II. 15: Ensembles de données étiquetés pour l'apprentissage supervisé et classification de données invisibles [36].

- **Apprentissage non supervisé :** L'apprentissage non supervisé est un type d'algorithme utilisé pour faire des inférences à partir d'ensembles de données constitués de données d'entrée non étiquetées et qui ne répondent pas.
  Ce type d'apprentissage est principalement utilisé lorsque l'on souhaite explorer un ensemble de données non étiquetées (Figure II.16) [41].

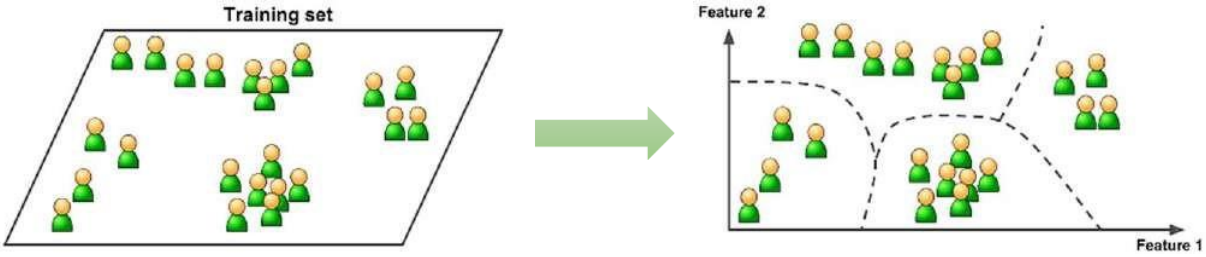


Figure II. 16: L'entraînement et la classification des données par l'apprentissage non supervisé.

II.5.3.1 Différence entre apprentissage supervisé et non supervisé

La principale différence entre ces deux types de formation est la disposition des données d'entrée, mais il existe d'autres différences comme indiqué dans le tableau suivant

[41] . La Figure II.17, et le tableau II.1, illustrent la distinction entre l'apprentissage supervisé et l'apprentissage non supervisé.

Tableau II. 1: supervisé vs non supervisé.

	Apprentissage supervisé	**Apprentissage non supervisé**
Les données D'entrée	Utilise des données connues étiquetées en tant qu'entrée	Utilise des données inconnues en tant qu'entrée Non étiquetées
Nombre de Classes	Connues	Inconnues
Précision des résultats	Résultats précis et fiables	Précision et fiabilité **Modéré**

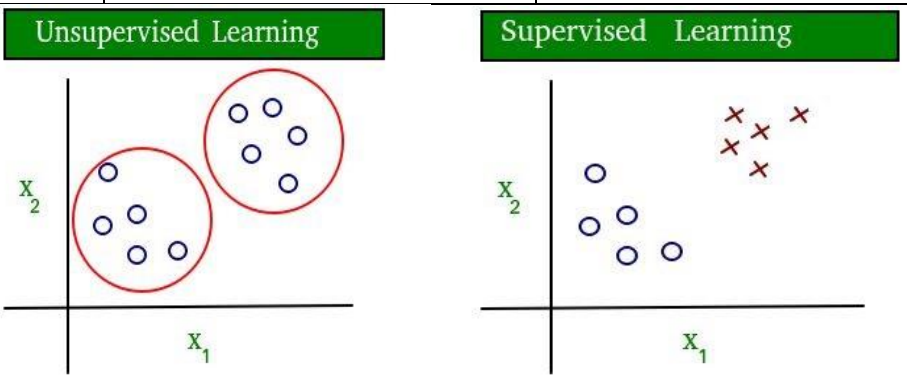


Figure II. 17: Apprentissage supervisé et non supervisé.

II.5.4-Domaines d'application de l'apprentissage profond

L'apprentissage profond, en tant que technique, est largement utilisé dans de nombreux domaines, notamment[42] :

1. **La reconnaissance faciale :** La reconnaissance faciale est une application majeure de l'apprentissage profond. En entraînant un algorithme avec un ensemble d'images, il peut apprendre à détecter et reconnaître les visages dans les images. Cette technologie est utilisée dans divers domaines, tels que la sécurité, l'authentification biométrique et la gestion des identités.
2. **Le traitement automatique de langage naturel :** est une autre application du deep learning. Son objectif est d'extraire le sens des mots et des phrases pour effectuer des tâches telles que l'analyse des sentiments, la traduction automatique, la génération de texte et les chatbots intelligents.
3. **Voitures autonomes :** Les véhicules autonomes nécessitent des systèmes avancés de perception et de prise de décision. Les entreprises développent des algorithmes d'apprentissage profond pour permettre aux ordinateurs de maîtriser les tâches

essentielles de conduite à l'aide de capteurs numériques. L'entraînement de ces algorithmes nécessite une grande quantité de données[42].

4. **Recherche vocale et assistants vocaux :** La recherche vocale et les assistants vocaux intelligents sont des applications populaires du deep learning. Les systèmes de reconnaissance vocale utilisent des modèles d'apprentissage profond pour convertir la parole en texte, tandis que les assistants vocaux utilisent des réseaux neuronaux pour comprendre et répondre aux commandes vocales.
5. **Traduction automatique :** Il s'agit d'une tâche dans laquelle des mots, expressions ou phrases donnés dans une langue sont automatiquement traduits dans une autre langue. La traduction automatique existe depuis longtemps, mais DL permet d'obtenir les meilleurs résultats dans deux domaines spécifiques :
    - Traduction automatique de texte
    - Traduction automatique d'images
6. **Recherche en marketing :** Le deep learning peut être utilisé en arrière-plan pour améliorer divers aspects de la recherche en marketing. Il peut aider à la segmentation du marché, à l'analyse des campagnes marketing, à la prédiction des préférences des clients et à d'autres tâches de classification et de régression pour mieux comprendre les comportements des consommateurs et optimiser les stratégies de marketing[42].

II.6-Réseaux Neurones

Les réseaux de neurones (NN) sont la fondation de l'apprentissage profond, qui s'inspire de la structure du cerveau humain. Les NN collectent des données, s'entraînent pour reconnaître des modèles dans ces données, puis prédisent les sorties pour de nouveaux ensembles de données similaires. Les NN sont composés de couches de neurones, qui sont les principales unités de traitement du réseau. Nous avons une couche d'entrée qui reçoit les données d'entrée, une couche de sortie qui prédit la sortie finale, et entre les deux, des couches cachées qui effectuent la majorité des calculs requis par le réseau[43].

II.6.1-Neurone biologique

Avant de discuter des neurones artificiels, examinons brièvement un neurone biologique (voir la Figure II.18[44]). Il s'agit d'une cellule inhabituelle principalement présente dans le cortex cérébral des animaux, y compris le cerveau humain. Le neurone biologique est composé d'un corps cellulaire contenant le noyau et la plupart des composants complexes de la cellule, ainsi que de nombreuses extensions ramifiées appelées dendrites. Il possède également une longue extension appelée axone, dont la longueur peut être plusieurs fois supérieure à celle du

corps cellulaire, voire des milliers de fois plus longue. L'axone se divise en de nombreuses branches appelées télodendrites, et à l'extrémité de ces branches se trouvent de petites structures appelées terminaux synaptiques, qui sont connectés aux dendrites ou directement au corps cellulaire d'autres neurones[44]. Les neurones biologiques reçoivent de courts signaux électriques appelés impulsions des autres neurones via ces synapses. Lorsqu'un neurone reçoit un nombre suffisant de signaux provenant d'autres neurones en un court laps de temps, il émet ses propres signaux.C'est ainsi que les neurones biologiques communiquent et transmettent des informations dans le cerveau.[44] .

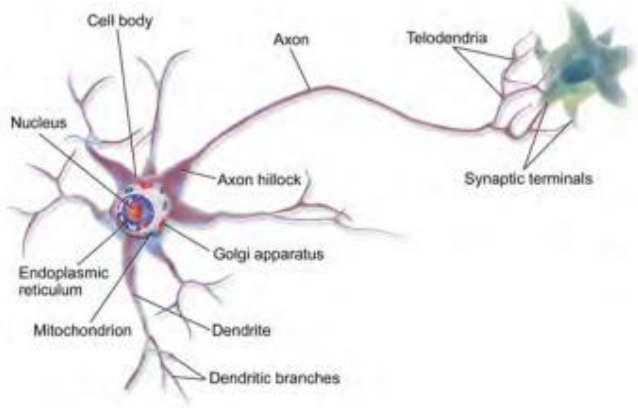


Figure II. 18: Représentation du neurone biologique.

II.6.2-Réseaux neurones artificiels

Les réseaux de neurones artificiels sont une technologie informatique avancée. Ils sont composés de plusieurs processeurs parallèles hautement intégrés, connectés entre eux pour former un modèle informatique distribué.

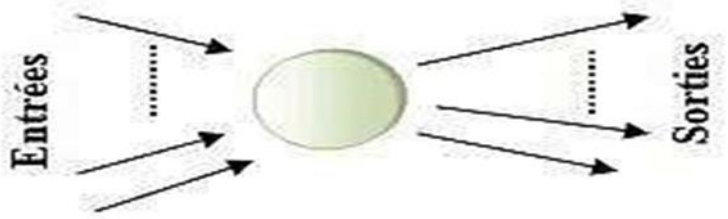


Figure II. 19: Illustration d'une unité de traitement individuelle.

L'architecture des réseaux de neurones artificiels était en effet très innovante lors de leur développement dans les années 1950. Elle était inspirée de la structure du cerveau, où de nombreux neurones sont interconnectés par des synapses, permettant des calculs parallèles dans le cortex cérébral (Figure II.20). Cette structure permet aux réseaux de neurones artificiels d'acquérir de nouvelles caractéristiques, de résoudre des problèmes complexes en temps réel, d'apprendre de manière autonome et de tolérer les échecs et les erreurs. Ces réseaux peuvent

être utilisés pour des tâches telles que la reconnaissance de motifs, la prise de décision, la prédiction et bien d'autres applications où la capacité à apprendre à partir des données est essentielle[45].

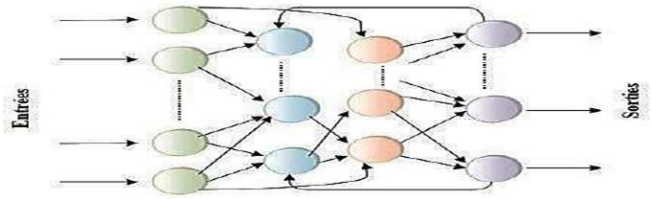


Figure II. 20: Réseaux neurones.

II.6.3-Architecture des Réseaux de neurones

Un réseau de neurones est constitué de neurones artificiels qui reçoivent des entrées et génèrent des entrées. Les réseaux de neurones sont généralement [41] :

1. **Couche Entrée : (Input Layer)** c'est l'ensemble de neurones qui porte le signal d'entré du réseau, et par la suite tous les neurones de cette couche sont reliés à la couche suivante [46].
2. **Couche cachée : (Hidden layers)** elles peuvent être une ou plusieurs, c'est ici où les relations entre les variables vont être mise en exergue. Le choix du nombre de couches et de neurones est intuitif et nécessite de l'expérience venant de l'expert [46].
3. **Couche sortie: (Output Layer)** elle représente le résultat du réseau de neurones c'est ce qu'on appelle la prédiction [41].

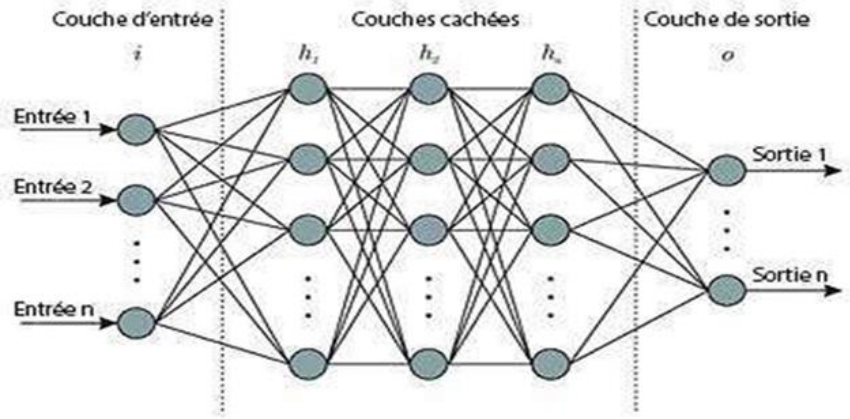


Figure II. 21: Architecture d'un réseau de neurones artificiels.

II.6.4-Caractéristiques des Réseaux de Neurones Artificiels

1. **Présentation :** Par conséquent, un réseau de neurones artificiels est fonctionnement du cerveau humain. Le but est de construire une machine capable de faire cela Se rapprocher le plus possible d'un comportement intelligent au lieu d'imiter des gens serviables. Le concept d'"intelligence artificielle".

2. **Les Entrées :** Chaque neurone d'un réseau de neurones artificiels reçoit plusieurs entrées, notées $E_I(1 \leq i \leq n)$, où n est le nombre de neurones d'entrée. Nous introduisons un facteur de "biais" ω0 en attribuant des poids ωi. En supposant que l'entrée E0 est fixée à 1, l'information atteint un neurone, elle est multipliée par le produit

$$W_I \times E_I \qquad \text{II.10}$$

Un neurone calcule la somme.

$$\sum_{I=1}^{n} W_I \times E_I \qquad \text{II.11}$$

C'est le potentiel du neurone et la sortie est produite par la fonction d'activation. Ce processus est crucial car il détermine la fonction du réseau et, par conséquent, son comportement ultérieur.

3. **Le Perceptron :** Les perceptrons sont des éléments constitutifs d'un réseau neuronal artificiel. Chaque neurone calcule sa sortie en effectuant la somme pondérée des entrées, en ajoutant un biais, puis en appliquant une fonction d'activation comme illustré dans la Figure II.22 [41].

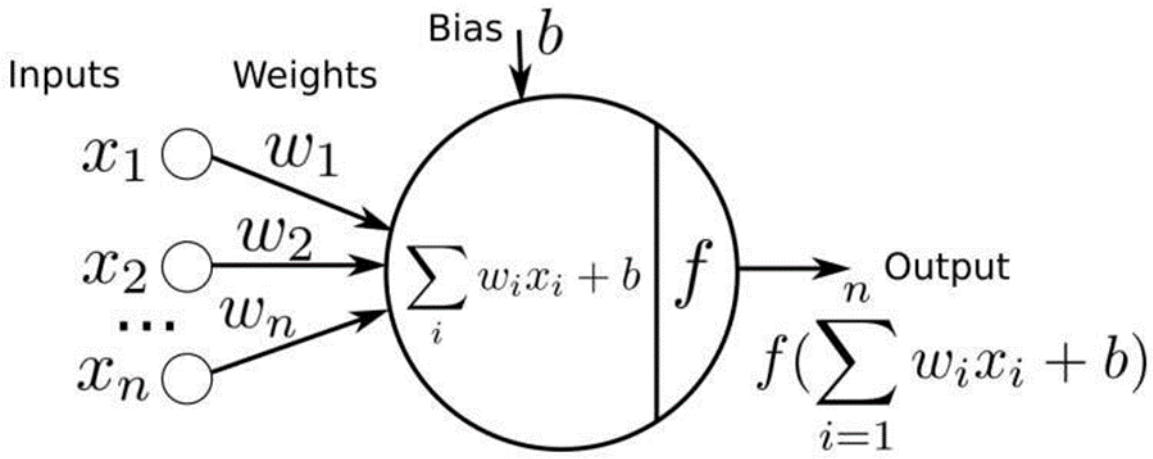
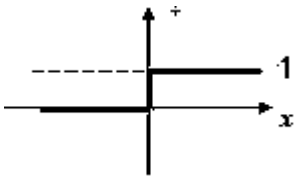
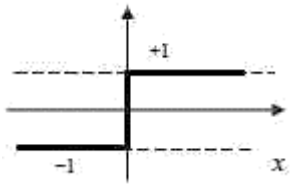
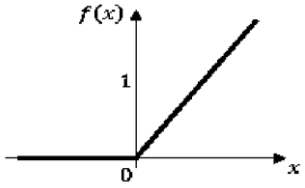
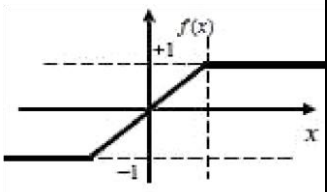
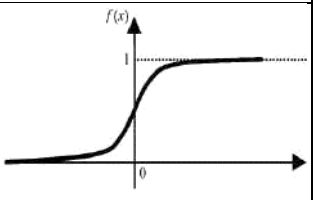
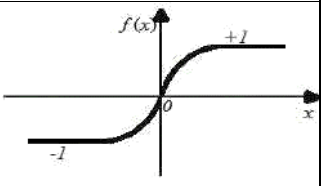


Figure II. 22: Principes de calcul des neurones artificiels [42].

4. **Fonction d'activation :** Une fonction d'activation, est utilisée pour transformer la sortie d'un neurone en un nombre réel proche de 1 pour les entrées "bonnes" et un nombre proche de 0 pour les entrées "mauvaises". Généralement, on utilise une fonction dont les valeurs sont dans l'intervalle réel [0, 1]. Une unité (ou neurone) est considérée active lorsque le nombre réel associé est proche de 1, tandis qu'elle est considérée inactive lorsque le nombre réel est proche de 0 [45], Les fonctions d'activation peuvent prendre différentes formes telles que binaire, linéaire, sigmoïde, etc.
5. **La sortie :** La sortie d'un neurone peut servir de résultat final ou être utilisée comme entrée pour d'autres neurones.

Tableau II. 2:suivant présente les fonctions d'activation les plus couramment utilisées [45].

Catégories	Types	Equation	Allure
Seuil	Heaviside	$F(x) = \begin{cases} 0 & x < 0 \\ 1 & x \geq 0 \end{cases}$	
	Signe	$F(x) = \begin{cases} 1 & x > 0 \\ -1 & x < 0 \end{cases}$	
Linéaire	ReLu	$F(x) = \begin{cases} 0 & x < 0 \\ x & x \geq 0 \end{cases}$	
	Saturé symétrique	$F(x) = \begin{cases} -1 & x \leq -1 \\ 1 & x \geq 1 \\ x & Ailleurs \end{cases}$	
Non linéaire	Sigmoïde	$F(x) = \dfrac{1}{1 + e^{-x}}$	
	Tangente hyperbolique	$F(x) = \dfrac{2}{1 + e^{-x}} - 1$	

II.6.5-Types de réseaux de neurones

En pratique, différentes architectures de réseaux de neurones sont utilisées, parmi lesquelles les plus couramment utilisées sont :

II.6.5.1 Réseaux de neurones artificiels (ANN)

Un réseau neuronal artificiel est un système interconnecté de processeurs, où les éléments fonctionnent simultanément pour effectuer des calculs. Chaque processeur calcule sa sortie en fonction des informations qu'il reçoit. Ainsi, une structure en couches forme un réseau global.

Ce type de réseau est généralement composé de trois types de couches : une couche d'entrée, une ou plusieurs couches cachées et une couche de sortie[47] [46].

II.6.5.2-Deep Neural Network (DNN)

Un réseau neuronal profond (DNN) est une variante d'un réseau neuronal artificiel (ANN) qui comporte plusieurs couches situées entre la couche d'entrée et la couche de sortie. Les réseaux de neurones sont constitués de différents éléments tels que des neurones, des synapses, des poids, des biais et des fonctions, qui fonctionnent de manière similaire au cerveau humain [43]. Ces composants permettent au réseau de neurones de traiter et d'apprendre à partir des données, de la même manière qu'un algorithme d'apprentissage automatique classique.

La Figure II. 23, représente la construction d'un modèle de réseau neuronal profond (DNN), mettant en évidence les différentes couches et connexions qui composent le réseau. On peut observer la présence de plusieurs couches intermédiaires, appelées couches cachées, entre la couche d'entrée et la couche de sortie.

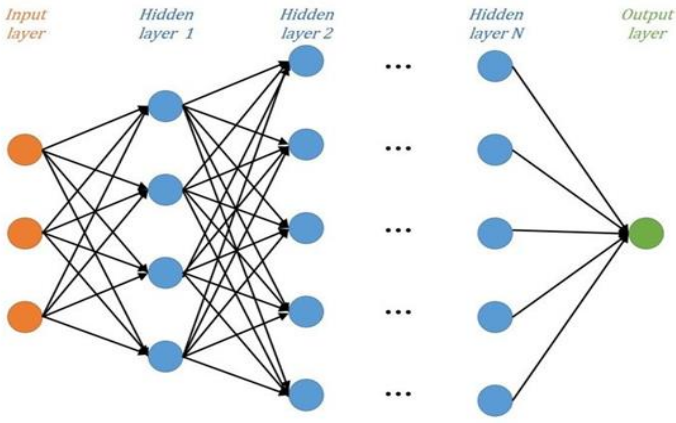


Figure II. 23: Construction du modèle de réseau neuronal profond DNN.

II.6.5.3-Réseau neuronal récurrent (RNN) et LSTM

Les réseaux de neurones récurrents (RNN) et les LSTM (Long Short-Term Memory) sont des algorithmes puissants et robustes qui se distinguent par leur capacité à maintenir une mémoire interne. Ces types de réseaux de neurones sont considérés comme très prometteurs en raison de cette caractéristique unique [48]. Leur capacité à se souvenir d'informations importantes dans les données reçues leur permet d'effectuer des prédictions précises sur les événements futurs. La capacité des RNN à retenir des informations pertinentes grâce à leur mémoire interne les rend extrêmement efficaces dans la prédiction des événements à venir[49].

C'est pourquoi ces algorithmes sont privilégiés pour l'analyse de données séquentielles telles que les séries chronologiques, la parole, le texte, les données financières, l'audio, la vidéo, la météo, etc. Leur capacité à conserver une mémoire interne leur permet de comprendre plus profondément la séquence et son contexte, les distinguant ainsi des autres algorithmes. Les réseaux de neurones récurrents sont capables de générer des prédictions dans les données séquentielles que d'autres algorithmes ne peuvent pas produire. [48].

Figure II.24 Représente une Conception d'une architecture RNN pour l'ouverture d'un réseau.

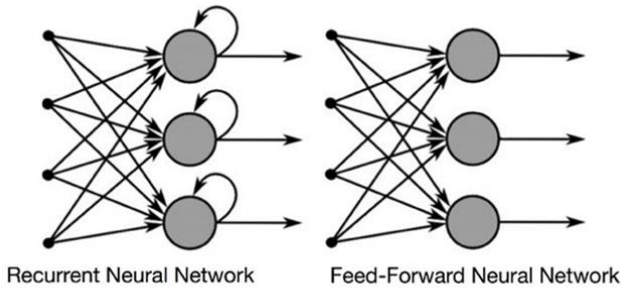


Figure II. 24: Architecture de RNN pour l'ouverture d'un réseau.

II.6.5.4-Réseau neuronal convolutif

Les réseaux neuronaux convolutifs (CNN) sont des réseaux multicouches qui comprennent des couches de convolution, de regroupement, d'activation et de connexions entièrement connectées[50]. La couche convolutive joue un rôle central dans le CNN en permettant l'extraction des caractéristiques des données. Les opérations de convolution appliquées avec différents filtres génèrent différentes cartes de caractéristiques. La couche de regroupement effectue un sous-échantillonnage en utilisant la valeur maximale ou moyenne des voisins pour réduire la taille spatiale de chaque carte de caractéristiques[48]. Les fonctions d'activation non linéaires telles que la fonction ReLU (Rectified Linear Unit) et ses variantes,

comme Leaky ReLU, sont largement utilisées. Elles transforment les données en supprimant les valeurs négatives et en laissant passer les valeurs positives en sortie [40]. Les neurones des couches entièrement connectées sont connectés à toutes les activations de la couche précédente. Ils se trouvent généralement avant la sortie de classification du CNN et permettent de transformer les résultats en une forme aplatie pour les prédictions à l'aide de classificateurs linéaires.Lors de l'entraînement de l'architecture CNN, le modèle prédit les scores de classe pour les images d'entraînement et calcule la perte en utilisant une fonction de perte spécifique, comme illustré dans la Figure II.25 [40, 50]**.**

la Figure II.25, illustre la séquence des différentes couches d'un CNN, montrant comment les données sont transformées à travers les couches pour aboutir à des prédictions ou des classifications.

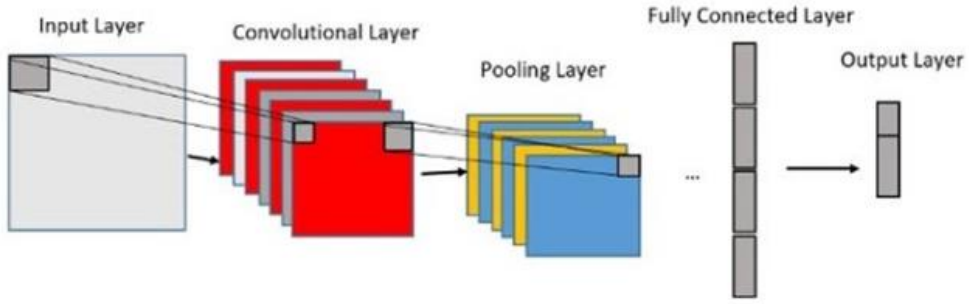


Figure II. 25: illustration des différentes couches CNN.

II.6.5.4.1-Les couches de réseau de neurones à convolution (CNN)

Les couches CNN sont spécialisées dans l'extraction de caractéristiques abstraites à partir de l'image, telles que des traits, des contours, des formes, etc. Chaque couche se concentre sur un nombre limité de caractéristiques spécifiques, qui sont ensuite combinées pour former des motifs de plus en plus précis[51]. Ces caractéristiques abstraites représentent l'ensemble de l'image initiale et servent ensuite de données d'entrée à un réseau neuronal plus traditionnel[50]. Dans le cas d'une tâche de classification, ce réseau neuronal classique détermine l'appartenance de l'image à une classe spécifique, telle qu'un animal, une voiture, etc. [39, 46].

La Figure II. 26, illustre l'organisation générale d'un CNN, avec des couches de convolution, de mise en commun et entièrement connectées, permettant d'extraire des caractéristiques et de prendre des décisions à partir des données d'entrée.

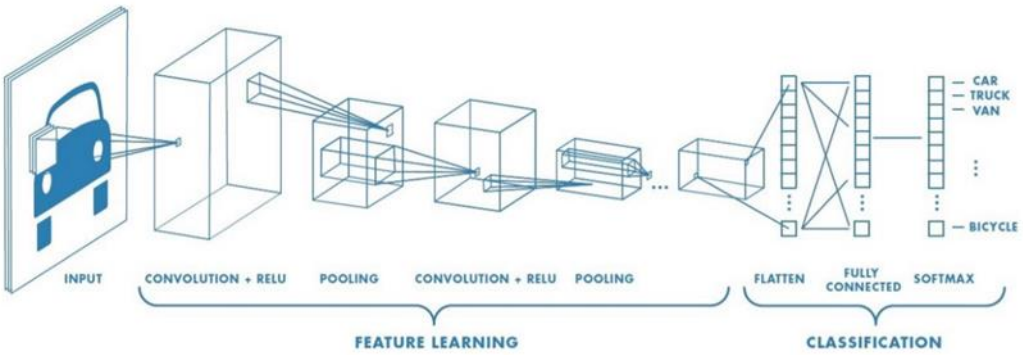


Figure II. 26: Architecture de base du réseau CNN.

1. **Couches de convolution :** La couche de convolution (CONV) est au cœur d'un réseau neuronal convolutif. Elle est composée d'un ensemble de filtres K, également appelés "noyaux", dont chaque filtre a généralement une forme carrée avec une largeur et une hauteur. Ces filtres sont représentés par des vecteurs impairs. Lors de l'opération de convolution, un filtre de taille fixe est appliqué à un vecteur 1D pour obtenir des valeurs uniques qui seront les valeurs de sortie (voir Figure II.27).

   Les hyperparamètres importants de la couche de convolution sont :

   - La taille du filtre : Il s'agit de la dimension du filtre, généralement carrée, qui est appliqué aux données d'entrée.
   - Le nombre de filtres : C'est le nombre de filtres (ou noyaux) utilisés dans la couche de convolution pour extraire différentes caractéristiques des données.
   - Le pas (Stride) : C'est la distance parcourue par les filtres lors du balayage des données d'entrée[46, 51].

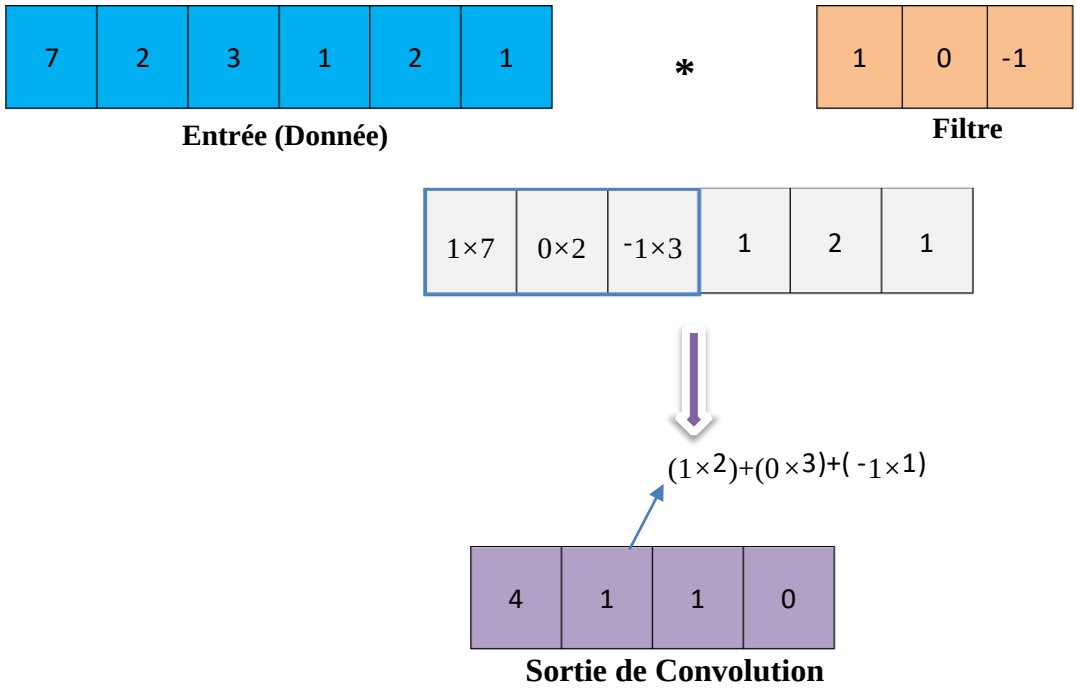


Figure II. 27: Opération de convolution.

2. **Remplissage zéro (Padding) :** Le remplissage par zéro est une technique utilisée pour résoudre le problème de la convolution qui limite le chevauchement du centre de chaque filtre avec les éléments les plus externes des données d'entrée. Pour résoudre ce problème, on ajoute des lignes et des colonnes de zéros de chaque côté des données d'entrée. Cela permet de positionner le centre du filtre sur l'élément le plus à l'extérieur. L'utilisation du remplissage par zéro lors de l'opération de convolution garantit que les dimensions des données d'entrée restent les mêmes dans le plan[52].

   Les architectures modernes de réseaux de neurones convolutifs (CNN) utilisent généralement deux types de remplissage :

   - Remplissage par zéro (Zero Padding) : Cette méthode est utilisée pour conserver les dimensions attendues des données d'entrée et permettre l'application de plus de couches.
   - Sans remplissage par zéro (No Padding) : Après l'opération de convolution, chaque carte de caractéristiques diminue continuellement en taille, comme illustré dans la Figure II.28 [46].

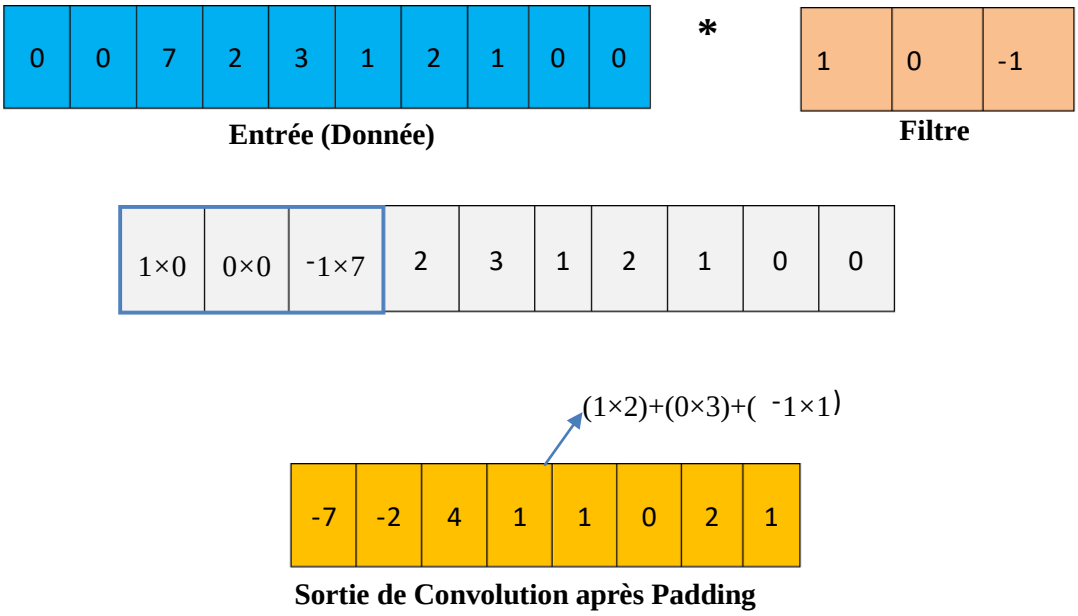


Figure II. 28: opération convolution avec padding.

3. **Couche d'activation (Relu) :** Après chaque couche de convolution (CONV) dans un réseau de neurones convolutif (CNN), une fonction d'activation non linéaire est généralement appliquée. Les fonctions d'activation couramment utilisées sont ReLU (Rectified Linear Unit), ELU (Exponential Linear Unit) ou Leaky ReLU. La sélection de la fonction d'activation dépend de l'architecture du réseau. Dans le cas de la couche d'activation ReLU, toutes les valeurs négatives en entrée sont remplacées par zéro, comme illustré dans la Figure II.29 [46, 47].

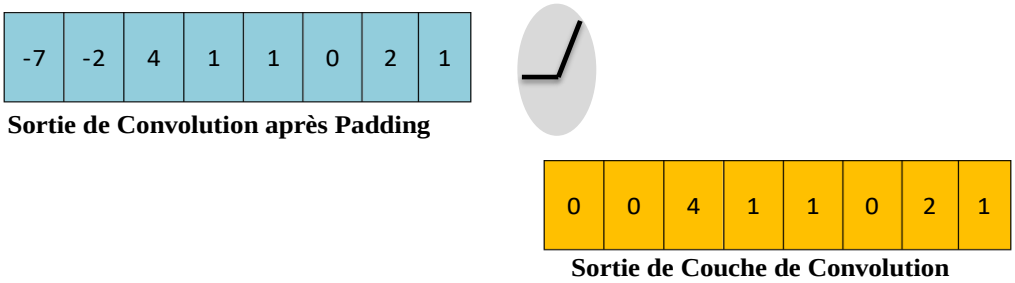


Figure II. 29: Application de la fonction d'activation ReLU..

4. **Couche de Pooling:** La couche de mise en commun (pooling) fournit une opération de sous-échantillonnage courante qui réduit la dimensionnalité dans le plan de la carte des caractéristiques. Cela permet d'introduire une invariance aux translations, petits décalages et distorsions, réduisant ainsi la quantité d'apprentissage nécessaire par la suite.

Dans une couche de mise en commun, la taille du filtre, le pas de déplacement et le remplissage sont des hyperparamètres qui définissent les opérations de mise en commun, de manière similaire aux opérations de convolution[46].

- **Max Pooling :** L'opération de mise en commun maximale (max pooling) est la forme la plus courante de mise en commun (pooling). Elle consiste à extraire des patches de la carte des caractéristiques en entrée, puis à sélectionner la valeur maximale de chaque patch tout en éliminant les autres valeurs. Dans la pratique, il est courant d'utiliser un filtre de taille 2x2 avec un décalage de 2. Cela réduit la dimension dans le plan de la carte des caractéristiques de moitié, tant en hauteur qu'en largeur[52], tout en maintenant inchangée la dimension de profondeur de la carte des caractéristiques (Figure II.30).

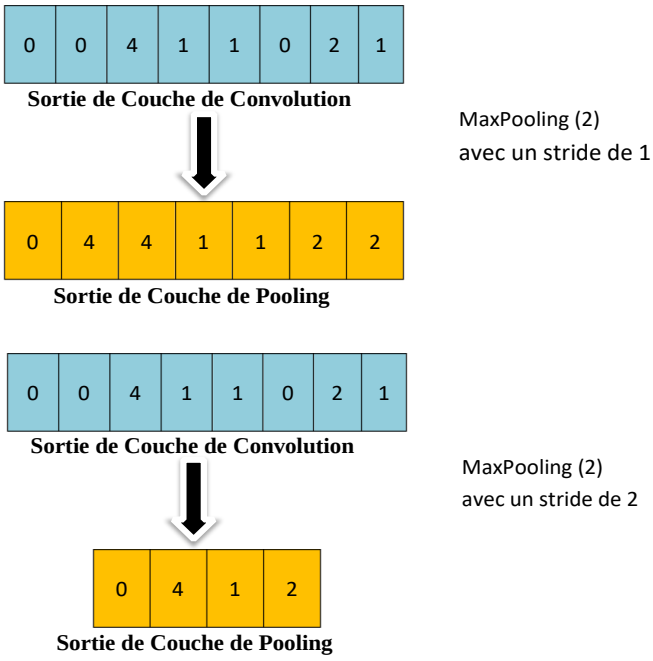


Figure II. 30: Application de Max Pooling.

- **Global Average Pooling :** Une autre opération de mise en commun importante est la mise en commun moyenne globale (Global Average Pooling **)** [53]. Cette opération effectue une forme extrême de sous-échantillonnage, réduisant une carte d'entités en largeur et en hauteur à un tableau de dimension 1x1 en prenant simplement la moyenne de tous les éléments de chaque carte d'entités, tout en préservant la profondeur de la carte d'entités. Cette opération est généralement appliquée une seule fois avant les couches entièrement connectées (Figure II.31).

  Les avantages de l'application de la mise en commun moyenne sont :

- Réduction du nombre de paramètres apprenables.
- Autoriser CNN à accepter des entrées de taille variable [46].

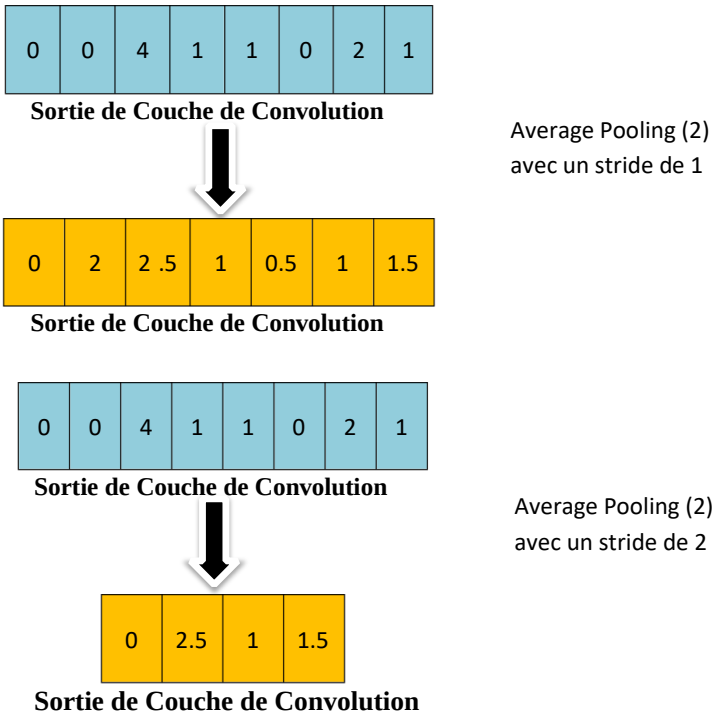


Figure II. 31: Application d'érage Pooling.

5. **Couche entièrement connectée (FC) :** Les neurones des couches entièrement connectées (fully connected) sont connectés à toutes les activations de la couche précédente, ce qui est une pratique courante dans les réseaux de neurones feedforward. Les couches entièrement connectées sont généralement situées à la fin du réseau, ce qui signifie qu'elles ne sont pas précédées d'une couche de convolution avant leur utilisation. Il est courant d'utiliser une ou deux couches entièrement connectées avant d'appliquer le classificateur softmax. [46].
6. **La fonction d'activation softmax :** La fonction d'activation appliquée à la dernière couche entièrement connectée diffère généralement des autres couches. Le choix de la fonction d'activation dépend de la tâche spécifique. Pour la tâche de classification multi-classes, la fonction d'activation couramment utilisée est softmax. Cette fonction normalise les valeurs de sortie réelles de la dernière couche entièrement connectée en probabilités pour chaque classe cible. Chaque valeur de sortie est ainsi restreinte entre 0 et 1, et la somme de toutes les valeurs est égale à 1[46, 47]. Mathématiquement, Soft max est défini comme :

$$S(y_i) = \frac{e^{y_i}}{\sum_{j=1}^{n} e^{y_i}} \qquad \text{II.12}$$

Où n est le nombre de classes et yi les éléments de vecteur d'entrée.

7. **Normalisation des lots (BN) :** La normalisation des lots (Batch normalization) est une technique qui accélère l'apprentissage dans les réseaux profonds en réduisant les variations des covariables internes. Les couches de normalisation par lots sont utilisées pour normaliser les activations d'un volume d'entrée donné avant de les transmettre à la couche suivante du réseau. Si nous considérons x comme notre mini-lot d'activations, nous pouvons calculer la valeur normalisée x̂ en utilisant l'équation suivante [46, 54] :

$$\hat{x_i} = \frac{x_i - \mu_\beta}{\sqrt{\sigma_\beta^2 + \varepsilon}} \qquad \text{II.13}$$

Pendant l'entraînement, nous calculons les valeurs de β et σβ pour chaque mini-lot β, où :

$$\mu_\beta = \frac{1}{M}\sum_{i=1}^{m} x_i \qquad \text{II.14}$$

$$\sigma_\beta^2 = \frac{1}{m}\sum_{i=1}^{m} (x_i - \mu_\beta)^2 \qquad \text{II.15}$$

Les symboles μ et σ représentent respectivement la moyenne et l'écart type des activations dans un mini-lot donné. Le terme ε est une constante de petite valeur ajoutée à l'équation pour éviter une division par zéro.

8. **Dropout :** Le dropout est une technique de régularisation qui vise à prévenir le surapprentissage en améliorant la généralisation, même si cela peut potentiellement affecter la précision de l'entraînement. Pour chaque mini-lot de l'ensemble d'entraînement, les couches de dropout déconnectent aléatoirement les entrées de la couche précédente vers la couche suivante de l'architecture du réseau, avec une probabilité p [46].

   La Figure II.32 illustre ce concept en déconnectant aléatoirement, avec une probabilité p = 0,5, les connexions entre deux couches complètement connectées pour un mini-lot

spécifique. Remarquez comment la moitié des connexions sont désactivées pour ce mini-lot. Une fois les passes avant et arrière calculées pour le mini-lot, les connexions désactivées sont réactivées, puis un autre ensemble de connexions est choisi aléatoirement à désactiver [54].

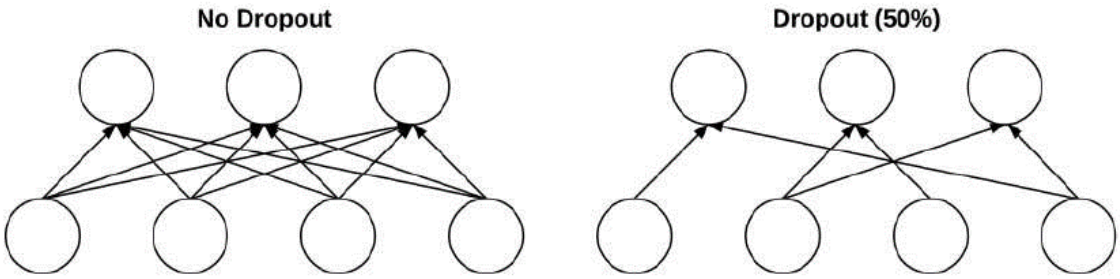


Figure II. 32 Comparaison des couches d'un réseau neuronal entièrement connecté (à gauche) et après la suppression de 50% des connexions (à droite) [42].

II.7- Types de modèles exploitant les architectures d'apprentissage profond

L'apprentissage profond offre une précision élevée lorsqu'il est appliqué à des ensembles de données complexes. Les algorithmes d'apprentissage profond sont largement utilisés dans des domaines tels que la prédiction, la classification et la reconnaissance. Les applications de ces algorithmes comprennent les réseaux de neurones profonds (DNN), les réseaux de neurones convolutifs (CNN), les réseaux de neurones récurrents (RNN) et les mémoires à long terme (LSTM), comme illustré dans la Figure II.33.

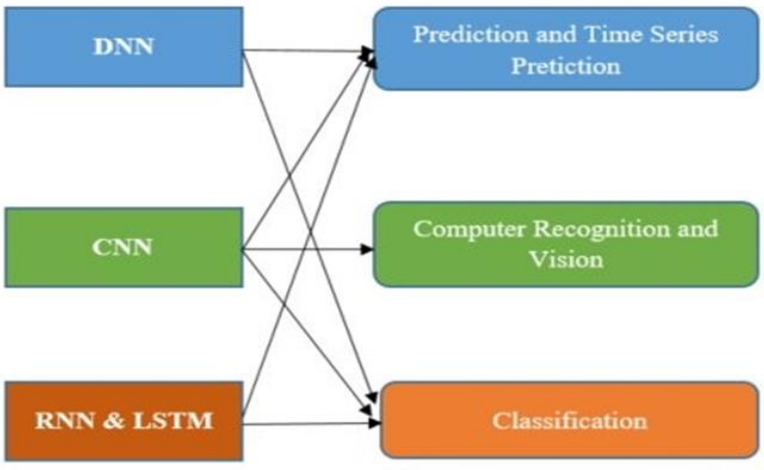


Figure II. 33 Illustration des divers types de modèles exploitant des architectures d'apprentissage profond.

II.8-Internet des objets (IOT)

Le CERP-IDO « Cluster des projets européens de recherche sur l'Internet des objets » définit l'Internet des objets comme : « une infrastructure dynamique d'un réseau global. Ce réseau global a des capacités d'auto configuration basée sur des standards et des protocoles de communication interopérables. Dans ce réseau, les objets physiques et virtuels ont des identités, des attributs physiques, des personnalités virtuelles et des interfaces intelligentes, et ils sont intégrés au réseau d'une façon transparente ».

Cette définition montre les deux aspects de l 'IOT : temporel et spatial qui permettent aux personnes de se connecter de n'importe où à n'importe quel moment à travers des objets connectés (Figure II.34**)** (Smartphone, tablettes, capteurs, caméras de vidéosurveillance, etc.). Un objet connecté a une valeur lorsqu'il est connecté à d'autres objets et briques logicielles, par exemple : une montre connectée n'a d'intérêt qu'au sein d'un écosystème orienté santé/bien-être, qui va bien au-delà de connaître l'heure [55].

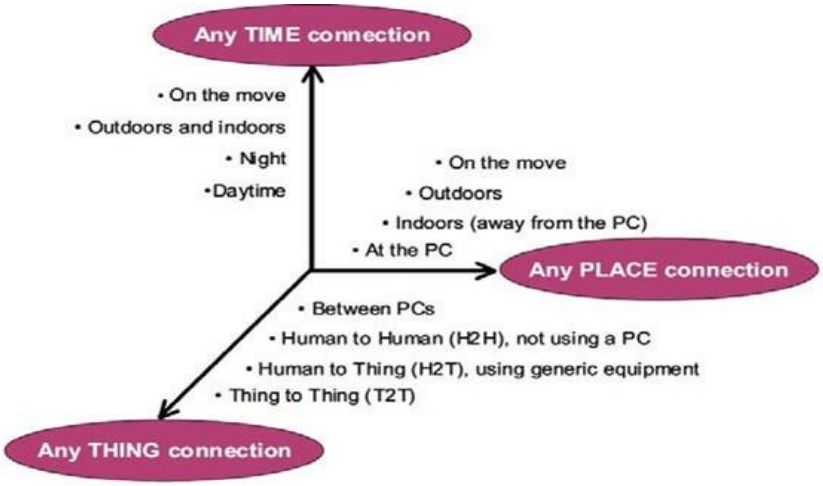


Figure II. 34: Exploration tridimensionnelle de la connectivité IoT [48].

L'émergence de l'Internet des Objets, qui efface progressivement les frontières entre les ordinateurs et les objets du quotidien, est le résultat de deux facteurs clés : la démocratisation des ressources informatiques et l'adoption croissante des services Web par les utilisateurs. (Figure II.35)

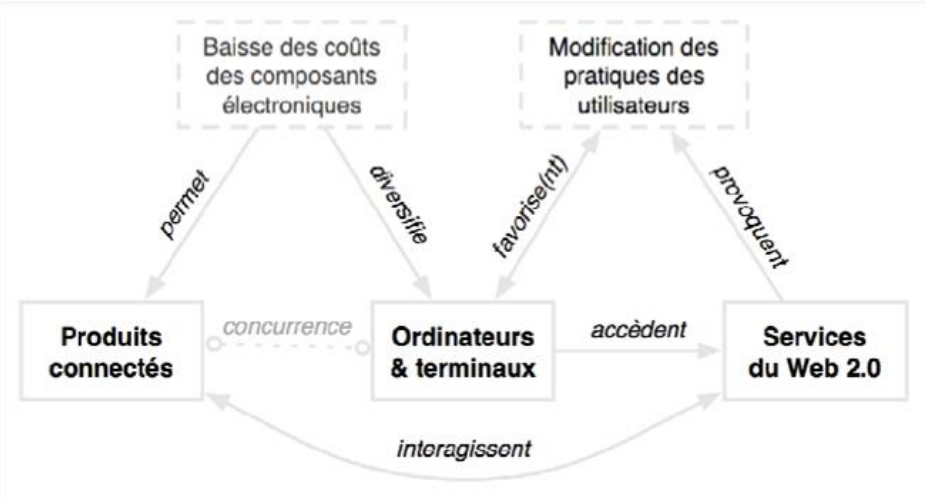


Figure II. 35: Illustration des facteurs déclencheurs de l'Internet des Objets.

II.8.1-Domaines d'application de l'IOT

Les applications de l'IOT sont vastes et touchent pratiquement tous les domaines de la vie quotidienne des individus, des entreprises et de la société dans son ensemble.

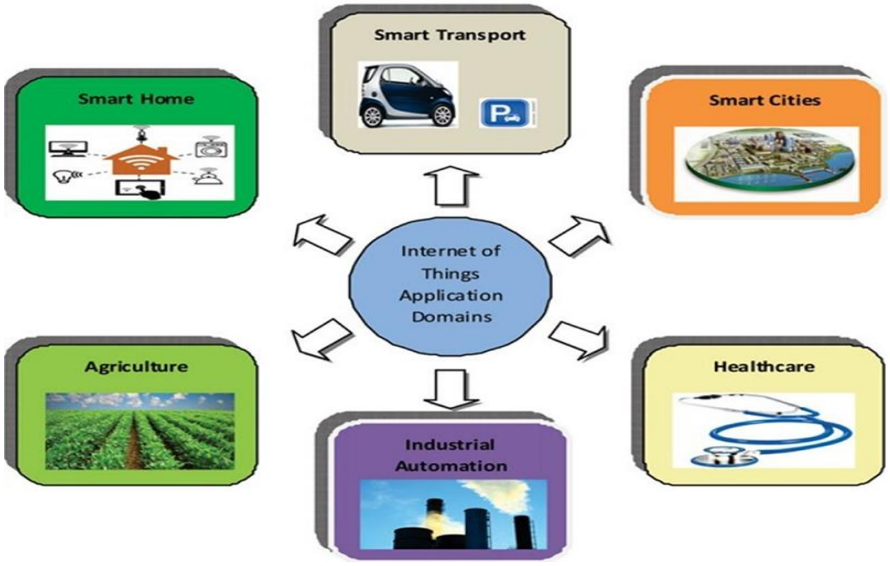


Figure II. 36: Aperçu des différentes applications de l'IoT [49].

Les applications IOT peuvent être divisées en trois catégories en fonction de leurs fonctionnalités :

- Applications de collecte d'informations : Il est chargé de collecter les données des nœuds de reconnaissance et de les stocker localement.
- Demande d'analyse : Gère le prétraitement hors ligne des données collectées pour créer des modèles généraux d'évaluation des futures données collectées.
- Applications pour la prise de décision en temps réel : Ils sont impliqués dans la prise de mesures et d'actions appropriées sur la base des données collectées et analysées [31].

En termes d'exigences industrielles, l'IOT a une large gamme, comme la montre la figure II.34. Il s'agit notamment des applications grand public telles que les appareils portables, les maisons intelligentes (Smart Home) et les soins de santé intelligents (Healthcare). Applications commerciales telles que la logistique et la vente au détail. Applications industrielles telles que la gestion des ressources et de l'énergie, le transport intelligent (Smart Transport) et la fabrication (industrial automation). Applications spécifiques du secteur public telles que les villes intelligentes, la sécurité et la surveillance visant à améliorer la qualité de vie des personnes. Les utilisateurs peuvent accéder directement aux applications et services IOT à l'aide d'une variété d'appareils portables tels que les téléphones mobiles, les ordinateurs et les assistants numériques personnels (PDA) [31].

II.8.2 Architecture de l'IDO

Il n'existe en réalité aucune définition uniforme et formelle de l'architecture du système IoT qui soit adoptée par l'ensemble des projets. Pour cette étude particulière, nous avons décidé d'adopter l'architecture spécifiée dans la référence [31], qui est représentée dans le tableau II.3 Cette architecture se compose de trois couches distinctes :

Tableau II. 3: Architecture de l'IOT.

Couche Application	Application IOT
	Support d'application
Couche Transmission	Réseau local et étendu
	Réseau cœur
	Réseau d'accès
Couche Perception	Réseau de perception
	Nœud de perception

II.8.2.1 Couche de Perception

La couche de perception, également connue sous les appellations de "couche de périphérique", "couche sensorielle" ou "couche de reconnaissance", constitue la base de l'architecture IoT. Elle a pour rôle de capturer les informations provenant du monde réel et de les représenter sous forme numérique. Cette couche englobe les technologies nécessaires à la détection des données environnementales, à l'identification des objets, à l'activation des données détectées et à la communication entre des appareils intelligents hétérogènes, le tout avec une intervention humaine minimale. En fonction de ses fonctionnalités, cette couche peut

être subdivisée en deux sous-couches distinctes : les nœuds de perception, également appelés nœuds sensoriels, et le réseau de perception, qui fait référence au réseau de capteur [56].

II.8.2.2 Couche de Transmission

La couche de transmission (appelée aussi « couche de transport » ou « couche réseau ») est responsable de transmission des données collectées par les nœuds de perception à l'unité de traitement de l'information (ou unités de prise de décision de haut niveau) à travers un réseau ou une interconnexion des réseaux. Cette couche permet alors une intégration d'une variété de réseaux, de technologies et de protocoles hétérogènes[56].

Cette couche peut être divisée en trois sous-couches réseau d'accès, réseau cœur et réseau local et étendu.

II.8.2.3 Couche Application

C'est la couche la plus haute de l'architecture IOT visible par l'utilisateur final. La couche application a pour but de gérer et de fournir les applications globales en se basant sur là les informations collectées par la couche de perception. Elle fournit aux utilisateurs finaux un accès aux services personnalisés sur le réseau, en fonction de leurs besoins, grâce à l'utilisation de divers appareils mobiles et équipements terminaux.

Cette couche peut être divisée en deux sous-couches : couche de support d'application et applications [31].

II.9-Conclusion

Dans ce chapitre, différentes techniques de traitement du signal ont été explorées, notamment la Transformée en Échelle d'Ondelettes (TEO), la Transformée en Cosinus Discrète (DCT), la Transformée de Fourier Rapide (FFT) et la Transformée de Hilbert. De plus, une définition de l'intelligence artificielle ainsi que de ses sous-domaines tels que le Machine Learning (ML) et le Deep Learning (DL) a été examinée. Les réseaux de neurones et les réseaux CNN ont été détaillés, accompagnés de diagrammes et d'organigrammes illustratifs des différentes couches de l'architecture CNN. Le chapitre a également abordé l'Internet des Objets (IoT) et ses domaines d'application. Les connaissances acquises dans ce chapitre seront utiles pour le prochain chapitre.

Chapitre III : Simulation et évaluation des résultats

III.1-Introduction

Ce chapitre revêt une importance capitale, car il permet de concrétiser l'approche de classification des cinq types de cancer à l'aide d'un système de deep learning en utilisant Python. Les différentes étapes de la simulation seront décrites en détail, allant de la préparation des données à l'évaluation des résultats obtenus. L'objectif de ce chapitre est de mettre en œuvre un modèle de deep learning pour la classification des cancers, en se basant sur le signal des séquences ARN. Ensuite, une comparaison sera effectuée avec d'autres approches existantes, suivie d'une analyse approfondie. Enfin, les résultats expérimentaux de notre modèle seront présentés, mettant en évidence les performances de classification obtenues.

III.2- Méthodologie proposée

La méthodologie adoptée comprend plusieurs étapes. Tout d'abord, un prétraitement des données est effectué en utilisant différentes méthodes de traitement des signaux telles que DCT-FFT, Hilbert, TEO, avec la concaténation vectorielle et matricielle de ces quatre méthodes. Ensuite, les signaux sont décomposés en ensembles distincts : l'ensemble d'entraînement, l'ensemble de validation et l'ensemble de test. Une fois les données préparées, un modèle CNN est développé en utilisant Python, en détaillant les différentes couches et le fonctionnement du modèle. Une méthode d'optimisation appropriée est appliquée pour améliorer les performances du modèle, en ajustant les paramètres et en minimisant les erreurs. Les détails de la méthode d'optimisation choisie sont décrits, expliquant comment elle est appliquée au modèle CNN. Enfin, les résultats expérimentaux sont présentés, avec une comparaison des différentes méthodes utilisées, la sélection des méthodes offrant les meilleurs résultats en termes de précision, une analyse détaillée de la base de données, des graphiques illustrant la précision et la perte du modèle, un rapport de classification évaluant les performances de la classification des différents types de cancer, ainsi qu'une matrice de confusion pour analyser en détail les résultats obtenus.

III.2.1-Diagramme de système proposé

La figure III.1, illustre l’organigramme de différentes étapes du système de classification de cancers basé sur le signal des séquences ARNm.

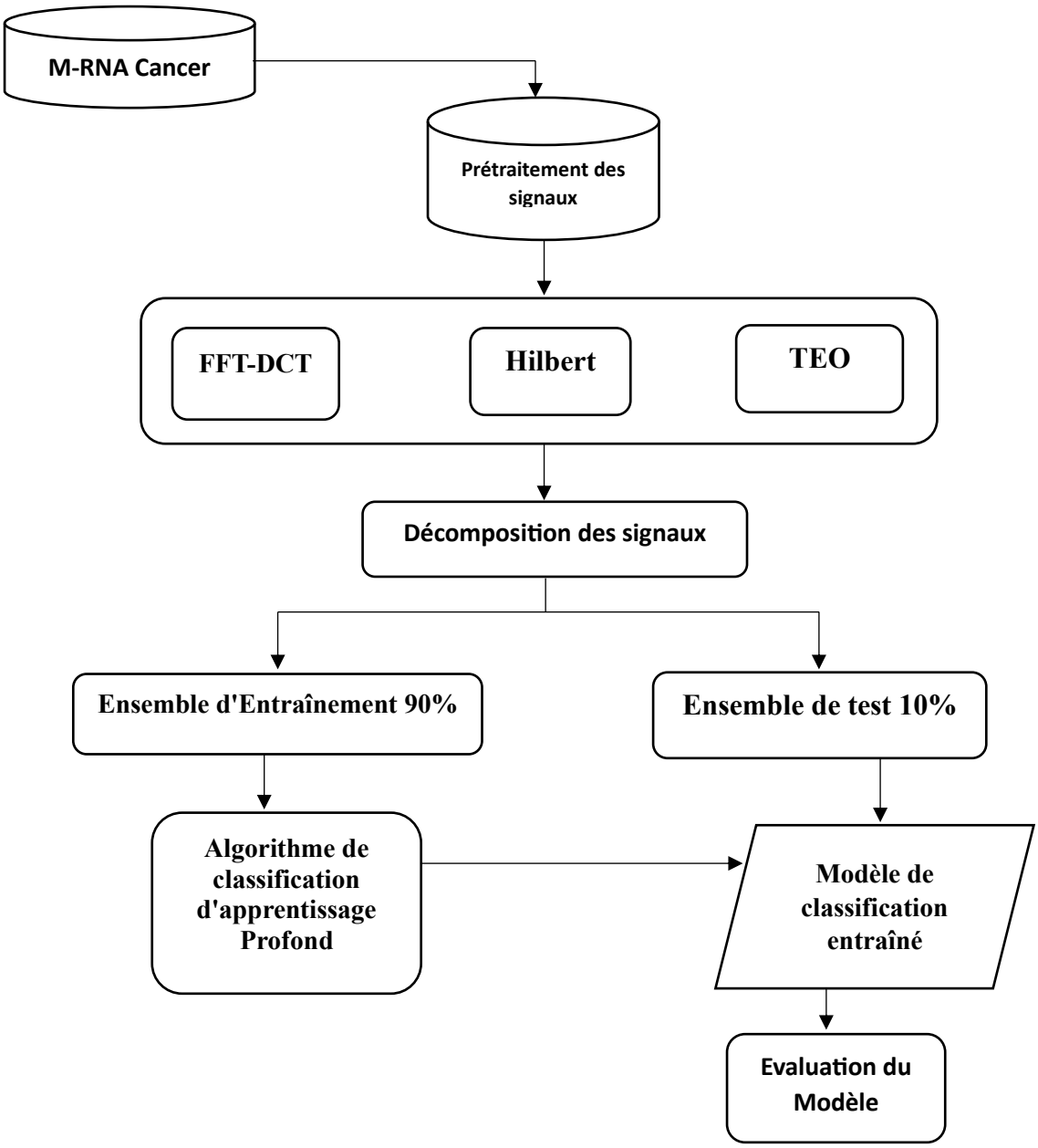


Figure III. 1: Organigramme de model proposé

Tout d'abord, les signaux des séquences ARN sont soumis à un prétraitement afin de garantir la qualité des données. Ensuite, ces données sont réparties en deux ensembles distincts : 80 % de l'ensemble pour l'entraînement du modèle et 20 % pour l'évaluation. Une architecture d'apprentissage profond est ensuite utilisée pour entraîner un modèle de classification. Ce modèle est optimisé ensuite et évaluer pour mesurer sa performance et son efficacité dans la classification des séquences ARN associées à cinq types de cancer.

III.2.2-Prétraitement

Afin de sélectionner la meilleure méthode de prétraitement des signaux des données, diverses méthodes de seront utilisées :

- **Transformation FFT-DCT :** Cette méthode utilise la transformation de Fourier rapide (FFT) et la transformation en cosinus discrète (DCT) pour convertir les signaux temporels en coefficients de fréquence et obtenir leur spectre de fréquence. Cela permet de capturer les caractéristiques fréquentielles des signaux.

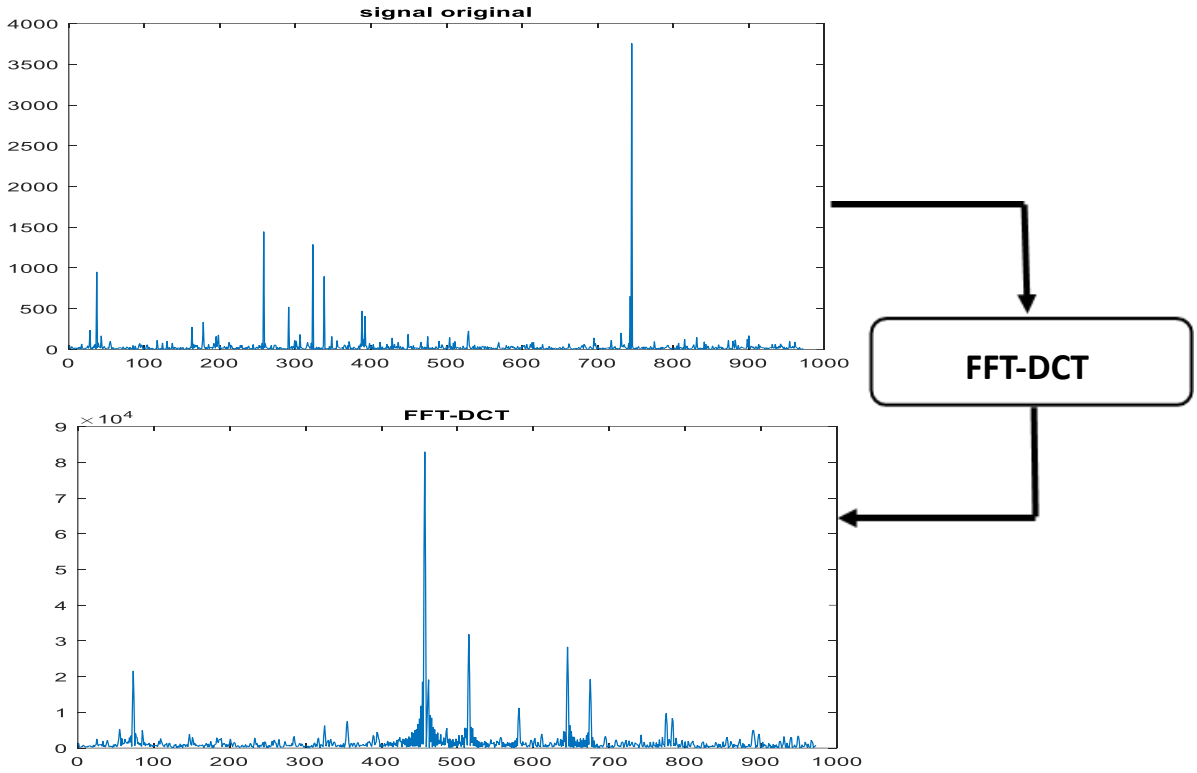


Figure III. 2: Effet de la méthode de prétraitement FFT-DCT sur un signal des séquence ARN

- **Transformée de Hilbert :** La méthode de Hilbert est utilisée pour extraire l'enveloppe des signaux, ce qui permet de mieux comprendre les variations de fréquence et d'amplitude. La transformée de Hilbert est utilisée pour extraire l'enveloppe d'un signal.
- **TEO (Teager Energy Operator) :** Le TEO est utilisé pour détecter les impulsions et les pics dans les signaux, ce qui permet de mieux comprendre l'état des données et d'identifier les variations significatives. Cette méthode aide à repérer les anomalies et les événements dans les données.
- **Fusion par matrice et par vecteur :** Nous avons également effectué la concaténation par matrice et par vecteur des caractéristiques extraites des quatre méthodes précédentes. En combinant les caractéristiques sous forme de matrices ou de vecteurs.

La Figure III.3, illustre l'utilisation de la concaténation matricielle et vectorielle pour regrouper différents prétraitements de signaux. À gauche, une représentation matricielle est présentée, tandis qu'à droite, une représentation vectorielle est affichée.

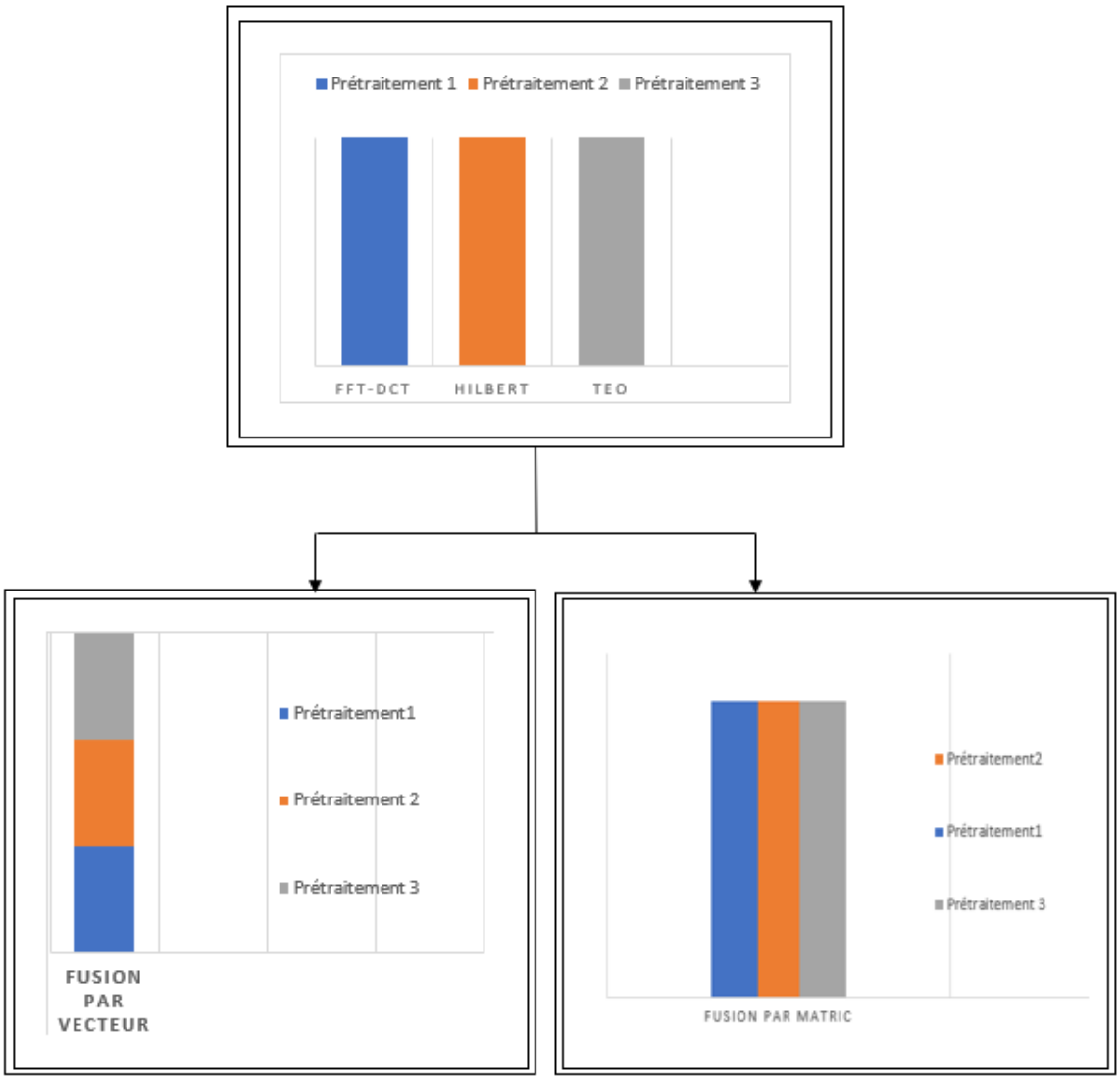


Figure III. 3: Analyse de prétraitement des signaux par concaténation matricielle et vectorielle.

III.2.3-Modèle CNN

Nous avons créé notre propre architecture de deep learning basé sur le réseau neuronal convolutif (CNN) en utilisant Python. La figure III.4, présente les différentes étapes d'entraînement du réseau CNN, comprenant la préparation des données, la construction du modèle de réseau, la fonction de perte et l'optimisation.

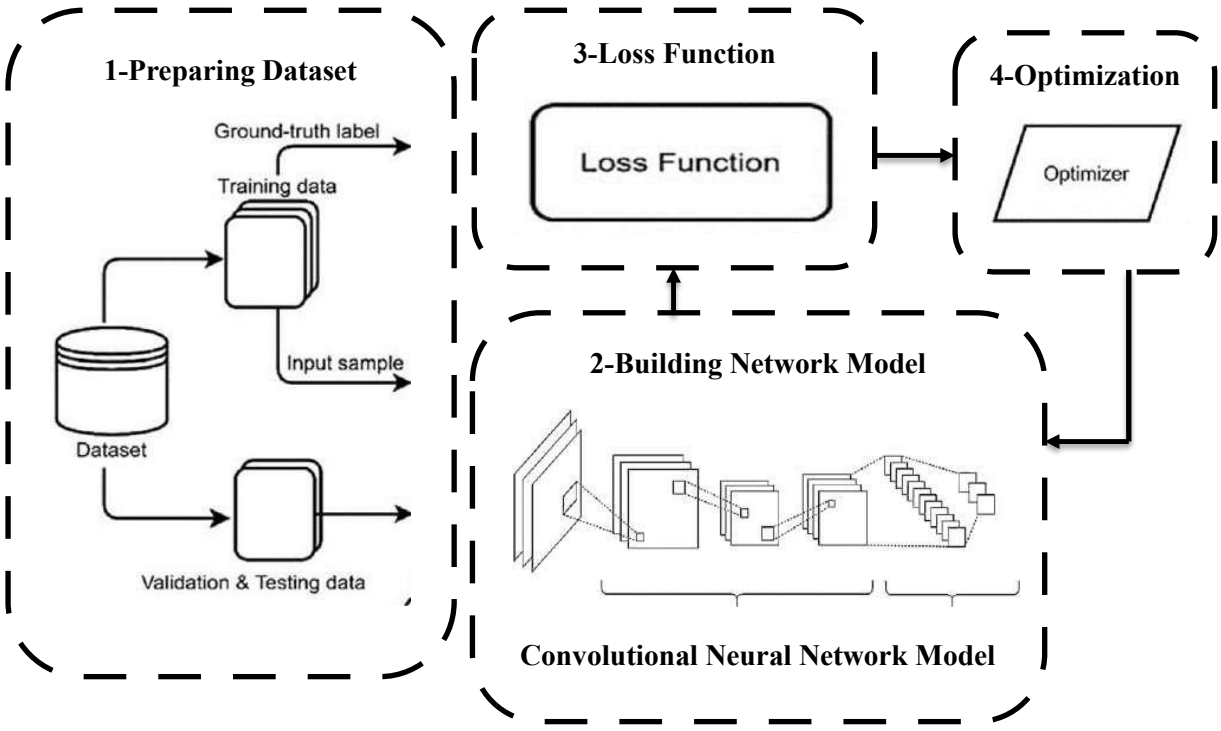


Figure III. 4: Diagramme schématique de procédure d'entrainement des réseaux CNN.

III.2.3.1-Architecture utilisée

L'architecture utilisée dans notre modèle est présentée dans le Tableau III-1, où nous avons intégré des fonctions d'activation "ReLu" (Rectified Linear Unit) entre les différentes couches de traitement. Cette approche vise à améliorer l'efficacité du traitement en appliquant la fonction d'activation "ReLu" aux signaux de sortie à chaque étape.

La Figure III.5, offre une représentation graphique tridimensionnelle du modèle qui présente les différentes couches du modèle. L'architecture présentée dans la Figure III.5**,** est composée de :

- 2 couches de convolution.
- Une couche de BatchNormalization.
- 2 couches de MaxPooling.
- Une couche de flaten
- 4 couches dense

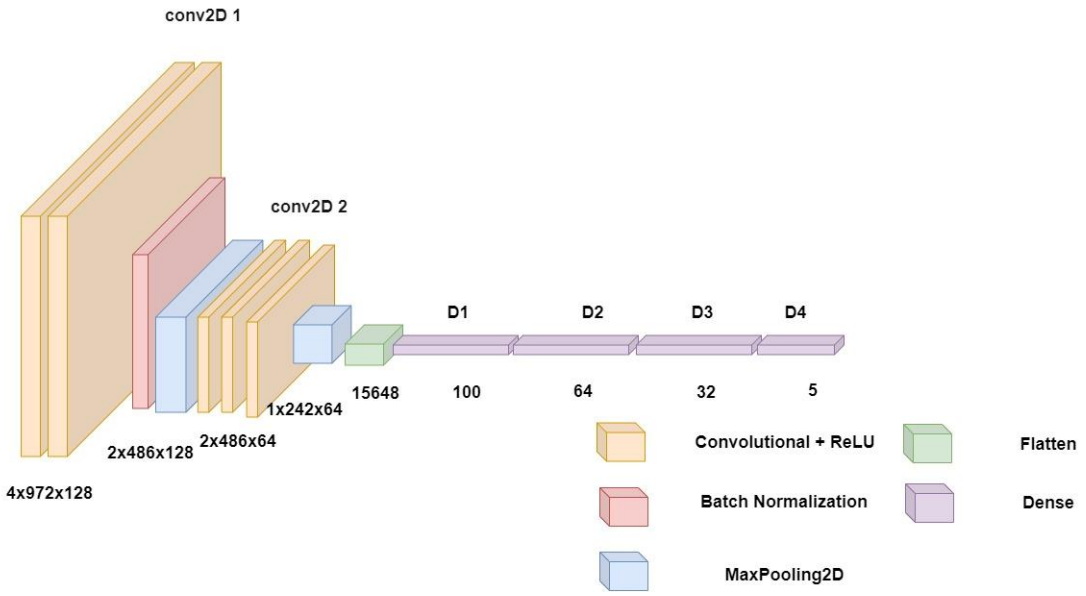


Figure III. 5: Représentation plus visuelle de notre modèle en 3D.

Notre signal de 972 points passe par la première couche de convolution. Cette couche est composée par 128 filtres de longueur 3, un rembourrage ("padding") "same"(ajoute des zéros autour des bords de l'entrée de manière à ce que la taille de sortie soit égale à la taille de l'entrée/assurer la cohérence des dimensions lors de la propagation des données à travers les couches) chaque couche de convolution est suivie par une fonction d'activation ReLu (prendre les valeurs positives seulement), alors que la sortie de cette couche est de taille 4x972x128.
Cette sortie est injectée à l'entrée de la couche de BatchNormalization, ensuite on applique MaxPooling2D pour réduire la taille du signal (a un facteur de sous-échantillonnage de 2).
La sortie de cette couche, est de taille 2x486x128 Cette dernière et à son tour été injectée comme entré dans la deuxième couche de convolution qui se compose par 64 filtres de longueur 3, cette couche de convolution est suivie par une fonction d'activation ReLu, la sortie est de taille 2x486x64.

Ensuite, nous utilisons une couche de MaxPooling2D avec un facteur de sous-échantillonnage de 2 pour réduire davantage la taille du signal. Cela donne une sortie de taille 1x242x64.
La couche suivante est une couche Flatten qui transforme la sortie en un vecteur à une dimension. Cela permet de passer d'une représentation matricielle à une représentation linéaire.La sortie est 15648 (vecteur unidimensionnel).
Puis elle est connectée à une couche Dense (entièrement connectée) avec 100 neurones et une fonction d'activation ReLU.

Cette couche est suivie d'une autre couche Dense avec 64 neurones et une fonction d'activation ReLU.

Ensuite, on ajoute une couche Dense avec 32 neurones et une fonction d'activation ReLU. Pour régulariser le modèle et réduire le surapprentissage, on ajoute une couche de Dropout avec un taux de 0.3, ce qui signifie que 30% des neurones de cette couche seront désactivés aléatoirement lors de l'entraînement.

Enfin, la couche de sortie est une couche Dense avec 5 neurones et une fonction d'activation softmax pour la classification multiclasse. Le modèle est compilé avec la fonction de perte "categorical_crossentropy", l'optimiseur "adam" et les métriques d'évaluation de précision ("accuracy").

La Figure III.6, présente l'architecture CNN utilisée en détail et offre une vue claire et concise de la structure globale du modèle. Elle met en évidence les différentes couches et leurs configurations spécifiques, ainsi que les dimensions associées à chaque couche.

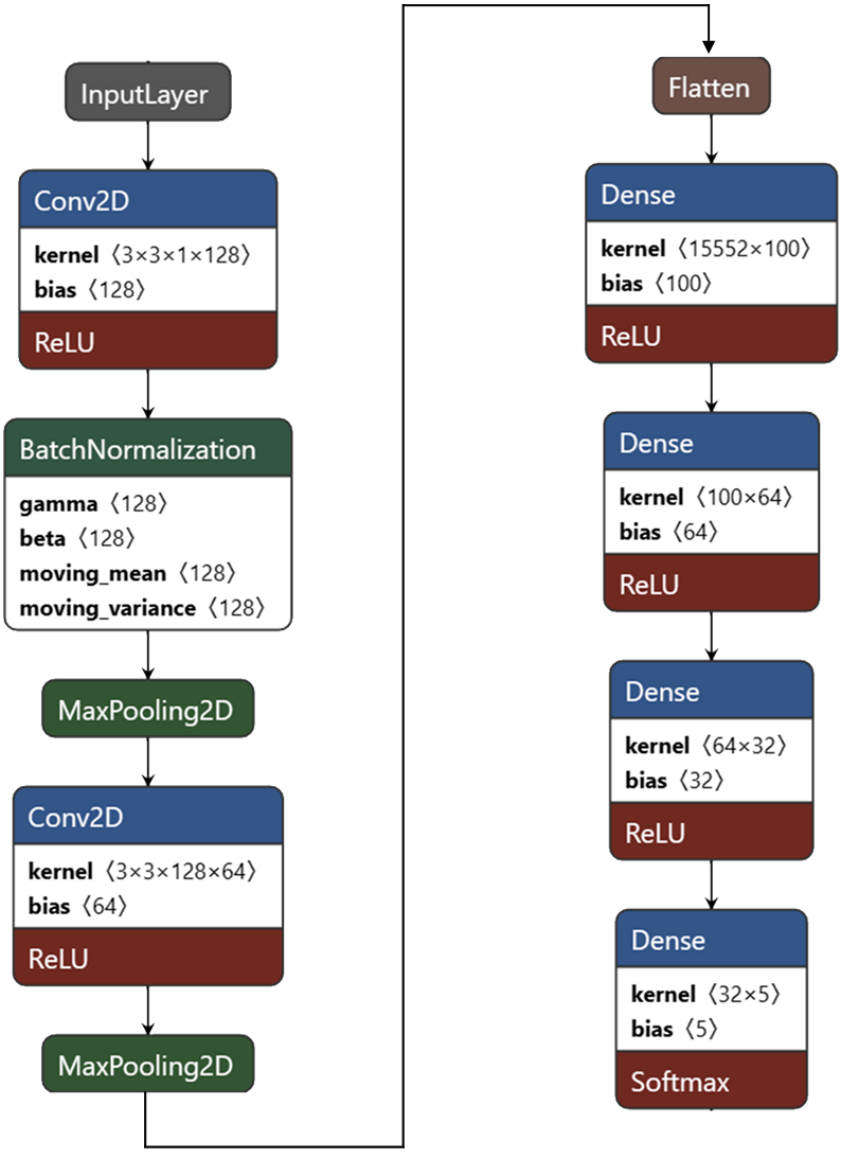


Figure III. 6: Détails de l'architecture CNN utilisée.

III.2.3.2-Compiler

Avant de commencer l'entraînement, il est nécessaire de configurer les éléments suivants :

- **Loss (fonction de perte) :** Il s'agit d'une fonction utilisée par le modèle pour minimiser les erreurs. Nous avons choisi la fonction "categorical_crossentropy" car nous effectuons une classification multiclasse.
- **Optimizer (optimiseur) :** L'optimiseur stochastique "Adam" a été choisi en raison de ses performances supérieures par rapport à un autre optimiseur testé, à savoir le RMSGD.
- **Metrics (métriques) :** Dans le cas d'un problème de classification,nous évaluons la performance du modèle en utilisant metrics=['accuracy'].qui mesure le taux de classification correcte.

III.3- Matérielles utilisé

III.3.1- Software

- **Matlab :** Matlab est un langage de programmation de haut niveau utilisé dans le domaine de l'informatique technique. Il offre une plateforme complète pour le calcul, la visualisation et la programmation, permettant d'exprimer les problèmes et les solutions de manière mathématique. Matlab est largement utilisé dans les domaines des mathématiques, de l'algorithmique, de la modélisation, de la simulation, de l'analyse de données et de la création d'interfaces utilisateur graphiques[57].
- **Python :** Python est un langage de programmation puissant, facile à apprendre et largement utilisé. Il est particulièrement adapté à la programmation scientifique en raison de sa simplicité, de son extensibilité, de sa portabilité et de sa vaste bibliothèque de modules. Python est utilisé dans de nombreux domaines, y compris le traitement audio, l'analyse d'images, la programmation web et les interfaces graphiques[58].

III.3.2-Hardware

Les caractéristiques de l’ordinateurs utilisé pour les tests sont les suivantes :

- **PC portable DESKTOP-KL6UNTE :**
  - Système d'exploitation : Windows 10 Professionnel.
  - Processeur : Intel Core i3 - 4030U CPU @ 1.90GHz.
  - Mémoire RAM : 4 Go (3.89 Go utilisable).
  - Processeur graphique : Intel UHD Graphics.

III.4-Bibliothèques utilisées

- **Tensorflow :** TensorFlow est une bibliothèque open-source pour la programmation de flux de données, offrant un bon support pour l'apprentissage automatique et les réseaux de neurones profonds. Il permet de travailler efficacement avec des tableaux multidimensionnels et offre une grande extensibilité pour le calcul sur des ensembles de données massifs[59].



Figure III. 7: Logo TensorFlow.

- **Keras :** Keras est une bibliothèque Python qui simplifie la création de modèles d'apprentissage en profondeur. Elle est réputée pour sa structure simple et lisible, et permet de gérer les entrées et les sorties de manière modulaire[60].



Figure III. 8: Logo keras.

- **Sklearn** : Scikit-learn est une bibliothèque Python pour l'apprentissage automatique supervisé et non supervisé. Elle offre des outils puissants pour la classification, la régression, le regroupement et la réduction de la dimensionnalité[61].



Figure III. 9: Logo Sklearn.

- **Matplotlib :** Matplotlib est une bibliothèque Python pour tracer des graphiques bidimensionnels. Elle est utilisée dans diverses interfaces utilisateur et permet de développer des applications de rapports, des applications analytiques interactives et des applications de tableau de bord[62].



Figure III. 10: Matplotlib

III.5-Résultats expérimentales obtenus

Le tableau III.1, représente les résultats obtenus par les différentes méthodes de prétraitement des signaux pour classifier les types de cancer. Il présente les précisions obtenues lors de l'entraînement, de la validation et du test, ainsi que les pertes correspondantes pour chaque méthode.

Tableau III. 1: Performances comparatives des méthodes de prétraitement utilisées.

	Method utilisé	**Train**		**Validation**		**Test**	
		Accuracy	**Loss**	**Accuracy**	**Loss**	**Accuracy**	**loss**
Fusion par concatenation	**Sans Prétreatment**	100%	1.9383e-04	98,08%	0.1741	97,31%	0.2504
	FFT-DCT	99,85%	0.0060	97,36%	0.2717	97,60%	0.1981
	Hilbert	99,85%	0.0076	96,65%	0.3154	94,61%	0.2853
	TEO	99,85%	0.0090	96,65%	0.2018	97,31%	0.2151
Fusion par matrice	**FFT-DCT+ Hilbert +TEO**	100%	3.0227e-04	96,17%	0.4054	95,51%	0.3578
Fusion par vecteur	**FFT-DCT+ Hilbert +TEO**	100%	3.4611e-04	97,12%	0.3019	95,81%	0.1502

L'analyse des résultats révèle que toutes les méthodes de prétraitement des données ont obtenu des performances globalement élevées pour la classification des types de cancer. Cependant, certaines méthodes se distinguent par leurs performances supérieures.

Sans prétraitement : Cette méthode, qui utilise les données brutes sans prétraitement, obtient une précision de test élevée de 97.31%. Cela indique que le modèle est capable de classifier avec précision les différents types de cancer sans l'aide de techniques de prétraitement spécifiques. Cependant, il convient de noter que la perte de test (0.2504), ce qui suggère une certaine marge d'amélioration possible.

FFT-DCT : La méthode de prétraitement combinant les transformations de Fourier (FFT) et de cosinus discrète (DCT) montre de très bonnes performances avec une précision de test de 97.60%. La perte de test est également relativement faible (0.1981), ce qui indique que cette méthode parvient à extraire efficacement les caractéristiques discriminantes des signaux pour la classification des types de cancer.

Hilbert : La méthode utilisant la transformation de Hilbert montre des performances légèrement inférieures par rapport à la précédente, avec une précision de test de 94.61%. La perte de test (0.2853) est également plus élevée, ce qui suggère que cette méthode pourrait avoir plus de difficultés à extraire les caractéristiques pertinentes des signaux.

TEO : La méthode TEO obtient une précision de test de 97.31%, ce qui est comparable à d'autres méthodes. La perte de test (0.2151) est relativement faible indiquant que cette méthode est efficace pour extraire les informations utiles des signaux.

Fusion par matrice (FFT-DCT + Hilbert + TEO) : Cette méthode de fusion par matrice présente une précision de test de 95.51%. La perte de test (0.3578) indique une performance relativement acceptable.

Fusion par vecteur (FFT-DCT + Hilbert + TEO) : La méthode de fusion basée sur la concaténation vectorielle des résultats obtient une précision de test de 95.81%. La perte de test (0.1502) est relativement faible, indiquant une bonne capacité à extraire les informations discriminantes des signaux.

Après l'évaluation des résultats, les deux méthodes TEO (Time Energy Operator) et FFT-DCT, offrent les meilleurs résultats pour le test.

La méthode TEO met l'accent sur les variations d'énergie dans le temps et les caractéristiques temporelles, tandis que la méthode FFT-DCT se concentre sur les caractéristiques fréquentielles extraites grâce à la transformation de Fourier et à la transformation en cosinus discrète. Ces caractéristiques spécifiques permettent à ces méthodes de capturer efficacement les informations discriminantes des signaux de la séquence ARN et d'obtenir de bons résultats.

III.5.1-Base de données

Une base de données est un ensemble structuré et organisé permettant le stockage de grandes quantités d'informations afin d'en faciliter l'exploitation (ajout, mise à jour, recherche de données). Ces informations sont en rapport avec une activité donnée et peuvent être utilisées par des programmes ou des utilisateurs communs.

Dans le cadre de cette étude, les signaux de séquences ARN de la base de données "Cancer Types : RNA Sequencing Values from Tumor Samples/Tissues" ont été utilisés pour évaluer l'approche de classification des maladies cancéreuses. Cette base de données est disponible en ligne à l'adresse[63].

III.5.1.1-Description de Base de données utilisée

Cette base de données est décomposée comme suit :

- Samples: 2086
- Gènes: 971
- Catégories : 5 (BRCA, KIRC, LUAD, LUSC, UCEC)
- Chaque ligne contient un échantillon spécifique
- Chaque colonne contient les valeurs ARN-Seq RPKM d'un gène spécifique
- La dernière colonne contient les catégories de cancer codées numériquement : 1=BRCA, 2=KIRC, 3=LUAD, 4=LUSC, 5=UCEC.

Le Tableau III-2, ainsi que la Figure III- 11**,** fournissent une représentation claire et structurée des données utilisées dans notre étude. Ce sont des références essentielles pour comprendre le nombre de signaux disponibles pour chaque type de cancer.

Tableau III. 2: Tableau de distribution des signaux.

	Les Types de Cancer	N° des Signaux de Chaque Classe
1	BRCA	878
2	KIRC	537
3	LUAD	162
4	LUSC	240
5	UCEC	269
Totale		2086

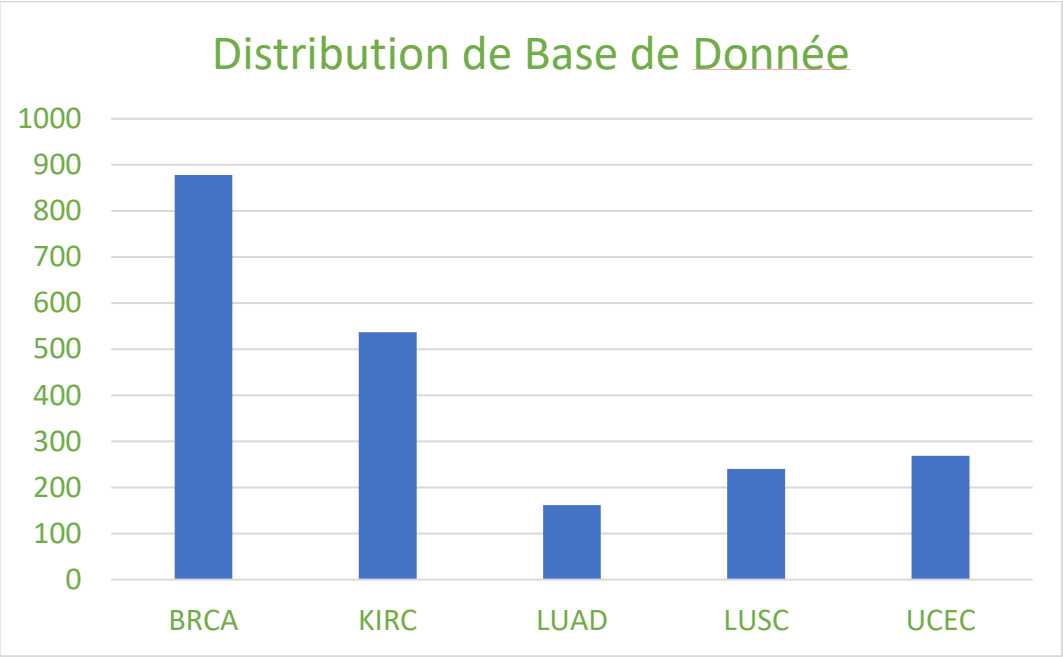


Figure III. 11: Visualisation de la distribution des données.

III.5.2-Décomposition des signaux

La décomposition des signaux de séquences ARN consiste en une division en deux parties (voir figure III-12) :

- Partie 1 : 70% originaux pour l'entraînement des réseaux neuronaux.
- Partie 2 : de 30% restants des signaux de séquence ARN, qui sont réservés à la validation et aux tests des réseaux neuronaux. Parmi ces signaux, 10% sont utilisés pour la validation et 20% pour les tests.

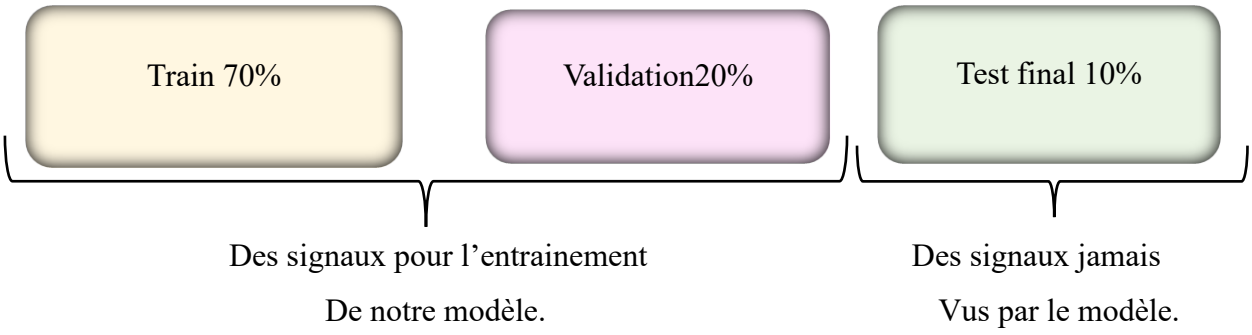


Figure III. 12: Décomposition des fichiers.

III.5.3- Evaluation des résultats lors de l'entraînement

Dans cette partie, les signaux utilisés pour évaluer les résultats obtenus par l'entraînement sont issus de 90% du jeu de données d'entraînement. Cela garantit que le modèle est évalué sur une grande proportion des données qu'il a utilisées pour apprendre et se généraliser. Ainsi, nous pouvons évaluer la capacité du modèle à bien performer sur les données qu'il a déjà rencontrées et sur lesquelles il a été entraîné.

III.5.3.1-Graphe de précision et des pertes

La Figure III-13, présente les courbes de précision et de perte pour la méthode TEO. Les graphiques représentent l'évolution de la précision et de la perte lors de l'entraînement et de la validation en fonction du nombre d'époques. On observe que la précision de la validation augmente de manière proportionnelle au nombre d'époques, tout comme la précision de l'entraînement. En revanche, la perte diminue de manière inversement proportionnelle au nombre d'époques. Ces résultats mettent en évidence l'efficacité de la méthode TEO dans la classification des types de cancer.

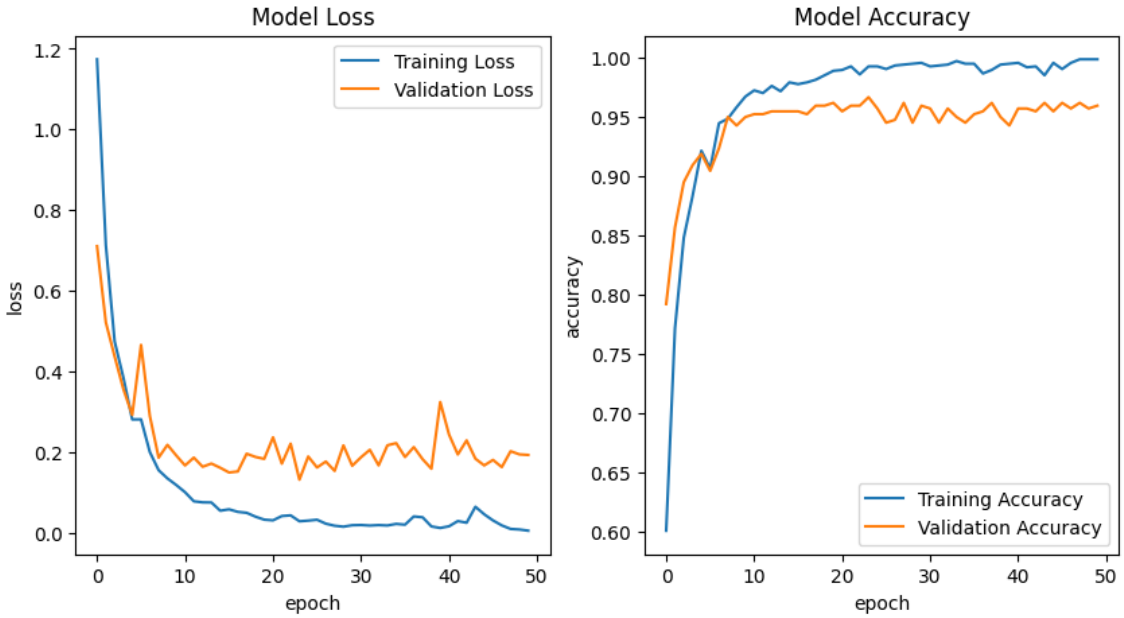


Figure III. 13: Graphe de précision et de perte pour la méthode TEO.

La Figure III-14 présente les courbes de précision et de perte pour la méthode DCT-FFT. Les graphiques représentent l'évolution de la précision et de la perte lors de l'entraînement et de la validation en fonction du nombre d'époques. On observe que la précision de la validation augmente de manière proportionnelle au nombre d'époques, tout comme la précision de l'entraînement. En revanche, la perte diminue de manière inversement proportionnelle au nombre d'époques. Ces résultats mettent en évidence l'efficacité de la méthode DCT-FFT dans la classification des types de cancer.

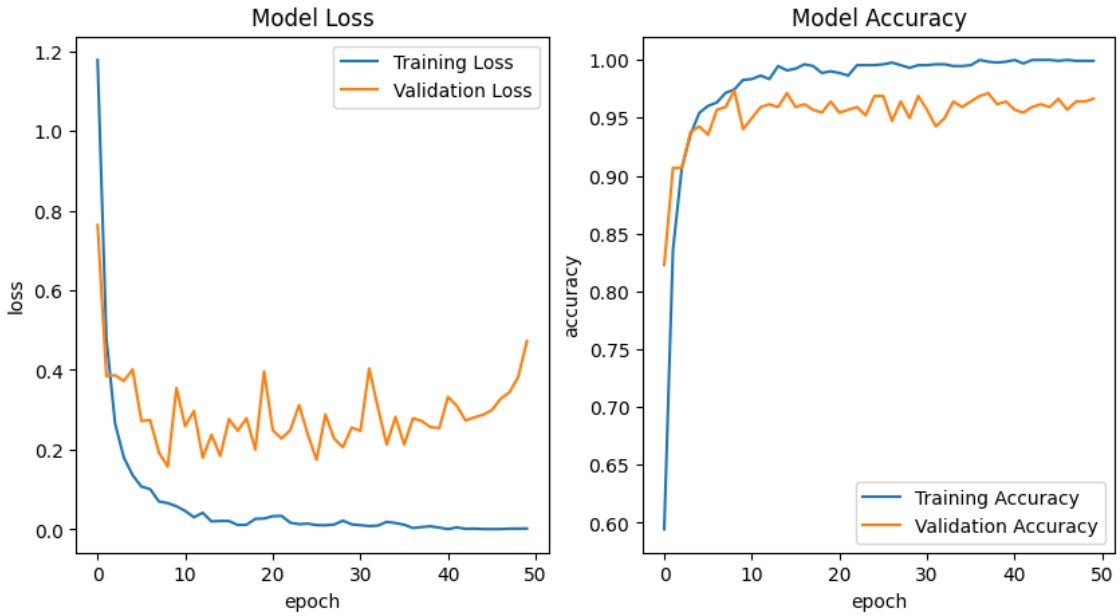


Figure III. 14: Graphe de précision et de perte pour la méthode DCT-FFT.

III.5.3.2-Rapport de classification

Le tableau III-3 présente le rapport de classification, qui évalue les performances du modèle de classification basé sur l'apprentissage en profondeur pour la méthode TEO. Il affiche la précision, le rappel (recall), le score F1 et le support de notre modèle. Ce rapport nous permet de mieux comprendre les performances globales de notre modèle pour la méthode TEO.

Tableau III. 3: Rapport de Classification la méthode TEO.

	Précision	**recall**	**F1-score**	**Support**
0	0.99	0.98	0.99	128
1	1.00	0.99	0.99	88
2	0.93	0.89	0.91	28
3	0.89	1.00	0.91	44
4	0.98	0.98	0.99	46
accuracy			0.97	334
Macro avg	0.96	0.96	0.96	334
Weighted avg	0.97	0.97	0.97	334

De même, le tableau III-4 présente le rapport de classification de la méthode DCT-FFT pour notre modèle. Ce rapport évalue les performances du modèle basé sur cette méthode et affiche les mêmes mesures de précision, rappel, score F1 et support. Il nous permet de mieux évaluer et comparer les performances des deux méthodes, TEO et DCT-FFT, dans notre modèle de classification basé sur l'apprentissage en profondeur.

Tableau III. 4: Rapport de Classification la méthode DCT-FFT.

	Précision	**Recall**	**F1-score**	**Support**
0	1.00	0.99	1.00	144
1	1.00	1.00	1.00	88
2	0.70	0.89	0.78	18
3	0.93	0.87	0.90	46
4	1.00	0.98	0.99	42
accuracy			0.97	334
Macro avg	0.93	0.95	0.93	334
Weighted avg	0.97	0.97	0.97	334

- **Précision** : C'est le rapport entre les vrais positifs et la somme des vrais positifs et des faux positifs. C'est également le rapport entre les prédictions positives correctes et le total des prédictions positives.
- **Recall :** C'est le rapport entre les vrais positifs et la somme des vrais positifs et des faux négatifs. C'est une mesure du nombre de points positifs que notre modèle est capable de rappeler à partir des données.
- **F1-Score** : C'est la moyenne harmonique pondérée de la précision et du recall. Plus la valeur du F1-score se rapproche de 1.0, meilleure est la performance. Il représente une moyenne harmonique de la précision et du recall.

$$\text{F1-Score} = \frac{\text{Précision} + \text{Recall}}{2}$$

- **Support :** C'est le nombre de signaux de chaque classe dans la base de données.

L'analyse du rapport de classification révèle les performances des méthodes TEO et DCT-FFT pour les classes LUAD (troisième classe) et LUSC (quatrième classe).Pour la classe LUAD, la méthode TEO présente un taux de précision de 93%, un rappel de 89% et un score F1 de 91%. Cela indique que la méthode TEO est capable de classifier avec précision les signaux de la classe LUAD, en minimisant à la fois les faux positifs et les faux négatifs. En revanche, la méthode DCT-FFT obtient un taux de précision de 70%, un rappel de 89% et un score F1 de 78% pour la même classe. Ces résultats montrent une précision inférieure de la méthode DCT-FFT dans la classification des signaux de la classe LUAD.

Concernant la classe LUSC, la méthode TEO obtient un taux de précision de 83%, un rappel de 91% et un score F1 de 93%. Ces valeurs indiquent une bonne précision et un rappel élevé pour la méthode TEO dans la classification des signaux de la classe LUSC. En

comparaison, la méthode DCT-FFT présente un taux de précision de 93%, un rappel de 87% et un score F1 de 90% pour la classe LUSC. Ces résultats suggèrent que la méthode DCT-FFT est également capable de classifier efficacement les signaux de la classe LUSC, avec une précision élevée.

Les résultats du rapport de classification montrent que la méthode TEO est plus précise pour la classe LUAD, tandis que les deux méthodes, TEO et DCT-FFT, présentent des performances similaires pour la classe LUSC

III.5.3.3-Matrice de Confusion

La Figure III-15, affiche la matrice de confusion, qui récapitule les résultats des prédictions et permet d'évaluer les performances de notre modèle de classification pour la méthode TEO. Chaque ligne correspond à une classe réelle, tandis que chaque colonne correspond à une classe estimée. Étant donné que nous avons 5 classes, notre matrice de confusion est de taille 5x5.

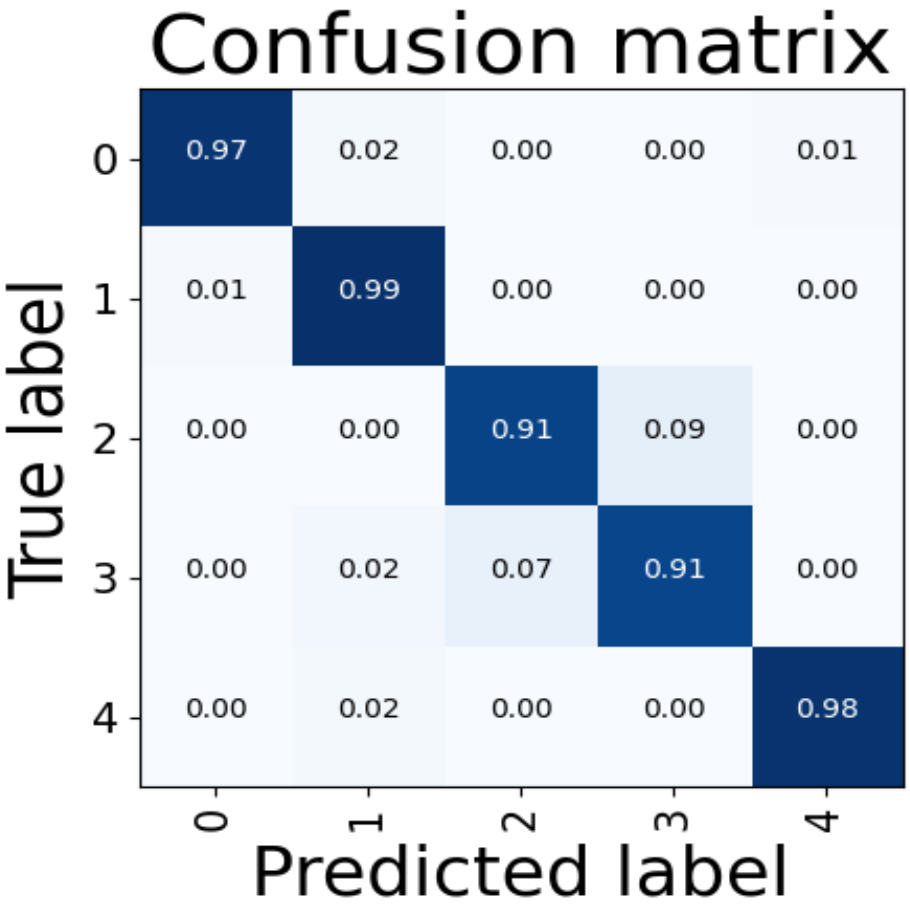


Figure III. 15: Matrice de confusion pour la méthode TEO.

L'analyse de cette matrice révèle que dans la troisième classe LUAD est de 81% classé normal mais l'autre 19% est mal classé, il est classé comme une LUSC.

La Figure III-16 affiche la matrice de confusion, qui récapitule les résultats des prédictions et permet d'évaluer les performances de notre modèle de classification pour la méthode TEO. Chaque ligne correspond à une classe réelle, tandis que chaque colonne correspond à une classe estimée. Étant donné que nous avons 5 classes, notre matrice de confusion est de taille 5x5.

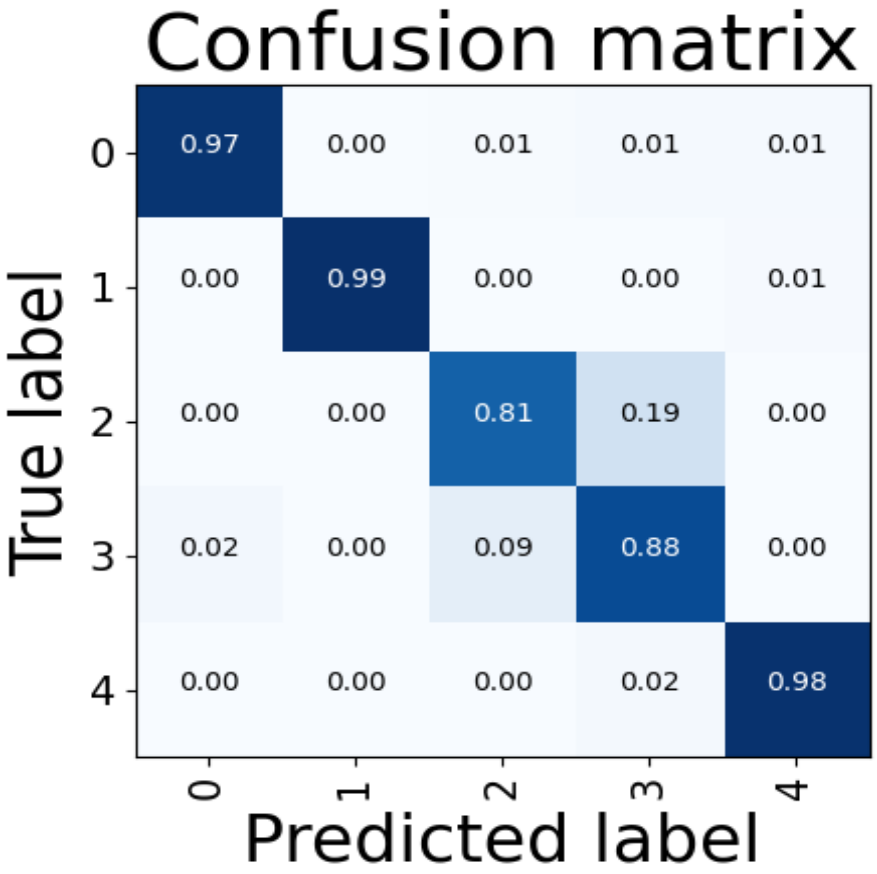


Figure III. 16: Matrice de confusion pour la méthode DCT-FFT.

L'analyse de cette matrice révèle que dans la troisième classe LUAD est de 91% classé normal mais l'autre 9% est mal classé, il est classé comme une LUSC.

L'évaluation des résultats obtenus par les méthodes TEO et FFT-DCT lors de l'entraînement a révélé les observations suivantes :

- Supériorité de la méthode TEO : L'évaluation met en évidence les performances supérieures de la méthode TEO par rapport à la méthode DCT-FFT
- Précision inférieure dans les classes 3 et 4 : L'évaluation a révélé une précision inférieure du système dans la troisième et la quatrième classe par rapport aux autres. Cela s'explique principalement par la similarité des signaux entre ces deux classes (voir la

figure III.18). De plus, il est important de souligner que le modèle n'a pas été suffisamment entraîné sur un nombre significatif de signaux pour ces classes spécifiques, en comparaison avec les autres classes (seulement 162 signaux pour la troisième classe et 240 pour la quatrième classe).

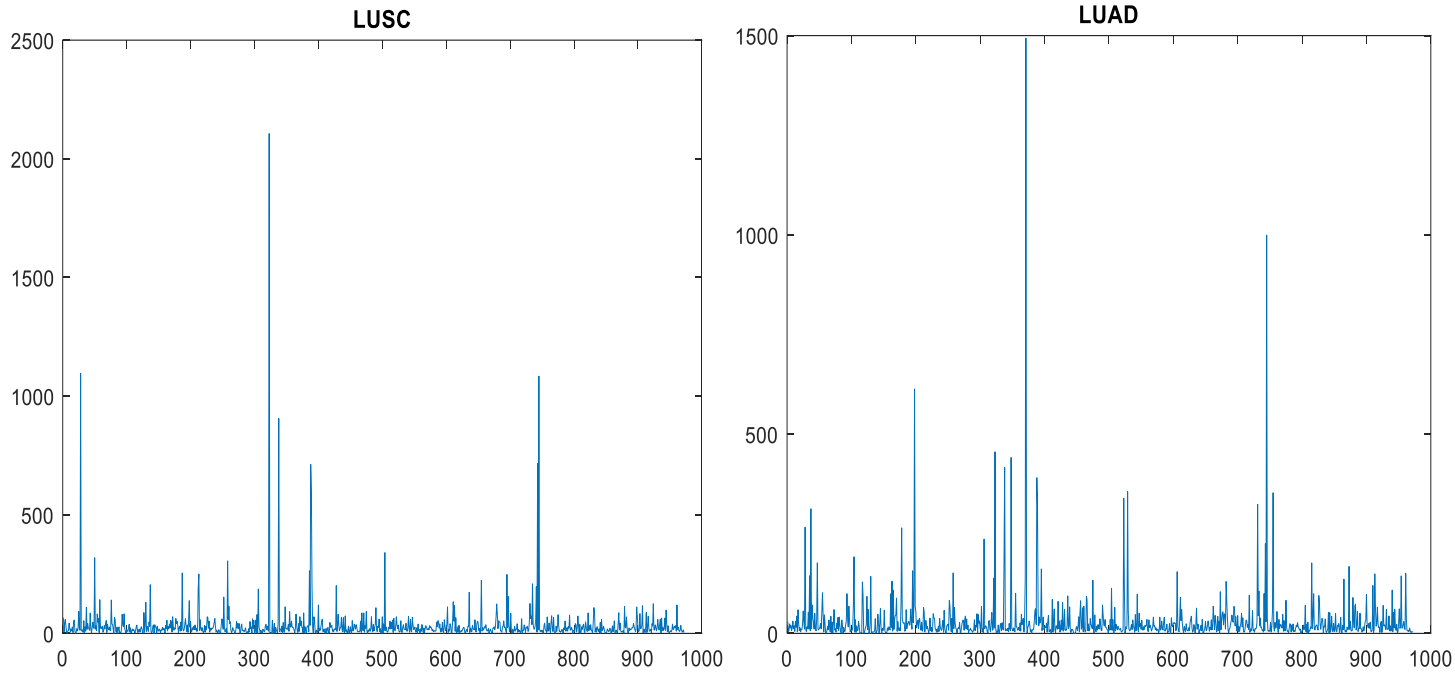


Figure III. 17: Comparaison de la similarité entre les signaux de la classe 3 (à droite) et de la classe 4 (à gauche)

III.5.4- Evaluation des résultats lors du test

Dans cette partie, les signaux utilisés pour évaluer les résultats obtenus par le test sont issus de 10% du jeu de données de test qui n'ont pas été utilisés par notre modèle lors de la phase d'entraînement. Cela nous permet d'évaluer objectivement les performances du modèle sur des données qu'il n'a pas encore rencontrées.

III.5.4.1-Rapport de classification

Le tableau III-5, présente le rapport de classification, qui évalue les performances du modèle de classification basé sur l'apprentissage en profondeur pour la méthode TEO lors du test. Il affiche la précision, le rappel (recall), le score F1 et le support de notre modèle. Ce rapport nous permet de mieux comprendre les performances globales de notre modèle.

Tableau III. 5: Rapport de Classification la méthode TEO.

	Précision	recall	F1-score	Support
0	0.99	0.99	0.99	145
1	1.00	1.00	1.00	76
2	0.93	0.87	0.90	30
3	0.87	0.94	0.90	35
4	1.00	0.98	0.99	48
accuracy			0.98	334
Macro avg	0.96	0.96	0.96	334
Weighted avg	0.98	0.98	0.98	334

III.5.4.2-Matrice de Confusion

La Figure III-17, affiche la matrice de confusion, qui récapitule les résultats des prédictions et permet d'évaluer les performances de notre modèle de classification pour la méthode TEO lors du teste. Chaque ligne correspond à une classe réelle, tandis que chaque colonne correspond à une classe estimée. Étant donné que nous avons 5 classes, notre matrice de confusion est de taille 5x5.

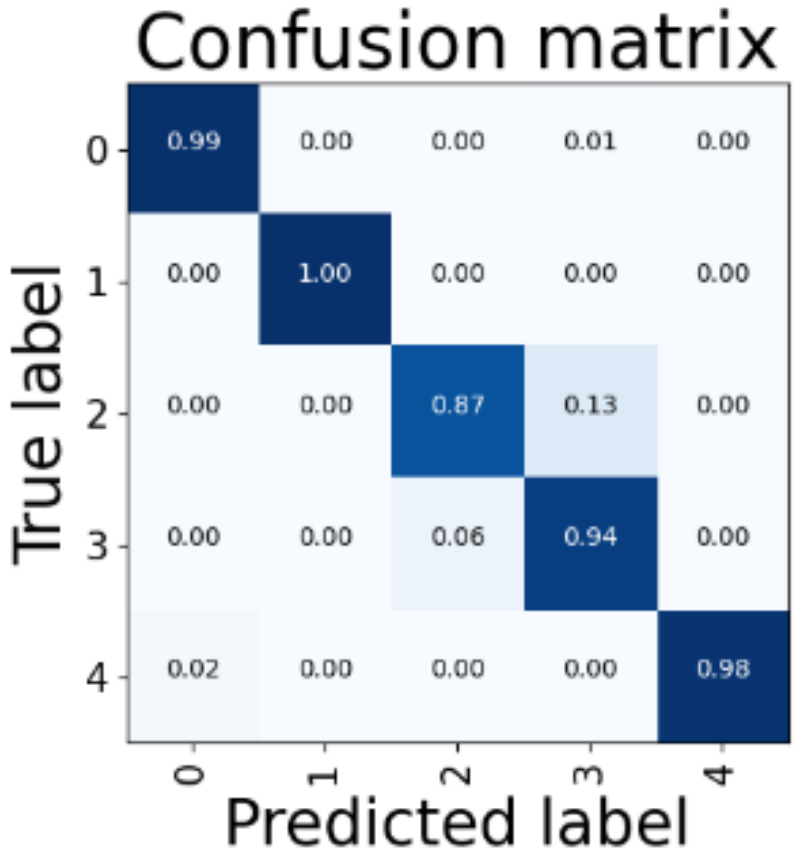


Figure III. 18: Matrice de confusion pour la méthode TEO.

L'analyse de cette matrice révèle que dans la troisième classe LUAD est de 87% classé normal mais l'autre 13% est mal classé, il est classé comme une LUSC.

III.6- Comparaison

La meilleure performance du modèle CNN-1D proposé est comparée aux études connexes récentes dans le Tableau III.6. Cette comparaison démontre l'efficacité et la fiabilité de notre approche proposée. Dans le travail de N. E. M. Khalifa et Al[64], ils ont utilisé le prétraitement BPSO-DT avec un modèle CNN-2D, réalisant une précision de 96,90%. De même, Boyu Lyu et Al[65]. Ont appliqué le prétraitement y=log_2(x+1) avec seuil de variance, associé également à un modèle CNN-2D, obtenant une précision de 95,20%. En revanche, notre étude utilise différents prétraitements tels que FFT-DCT, TEO, Hilbert, Fusion par Matrice et Fusion par Vecteur, combinés avec le modèle CNN-1D. Ces approches ont démontré des performances prometteuses avec des précisions respectives de 97,31%, 97,60%, 97,31%, 94,61% et 95,81%.

Ces résultats mettent en évidence l'efficacité de notre approche dans la classification des données, offrant des performances supérieures à celles des études connexes , Comme le montre le tableau ci-dessous.

Tableau III. 6: Comparaison entre les études connexes et l'étude présentée.

Travail	Année	Prétraitement	Modèle	La Taille (Mo)	Accuracy	Temps de Prediction (s)
N E M. Khalifa et Al[64].	2020	BPSO-DT	CNN-2D	/	96.90%	/
Boyu Lyu et Al[65].	2018	$y = log_2(x+1)$ Seuil de variance	CNN-2D	/	95.20%	/
Notre	2023	/	CNN-1D	8.30	97.31%	0.043
Notre	2023	FFT-DCT	CNN-1D	9.10	97.60%	0.038
Notre	2023	TEO	CNN-1D	7.43	97.31%	0.040
Notre	2023	Hilbert	CNN-1D	10.11	94.61%	0.043
Notre	2023	Fusion par Matrice	CNN-2D	18.66	95.51%	0.047
Notre	2023	Fusion par Vecteur	CNN-1D	15.40	95.81%	0.050

III.6-Conclusion

Dans ce chapitre, diverses techniques de prétraitement des signaux ont été appliquées aux séquences d'ARN associées à cinq types de cancer. Par la suite, une architecture CNN a été développée pour classifier les différents types de cancer. Après l'entraînement du modèle CNN, une comparaison a été réalisée entre les résultats obtenus et les deux meilleures méthodes de prétraitement des signaux, en se basant sur des mesures telles que la précision, la perte, les graphiques de la perte et de la précision, le rapport de classification et la matrice de confusion. Enfin, pour évaluer la généralisation du modèle, celui-ci a été testé sur des signaux non utilisés précédemment.

Conclusion Générale

La présente étude a exploré en détail les différents aspects de la classification des types de cancer en utilisant des techniques d'intelligence artificielle. Une nouvelle architecture de deep learning est proposée pour la classification des cancers basée sur les séquences d'ARN. Nous avons examiné les avancées de Deep Learning et son application dans l'analyse des données d'expression génique de séquences d'ARN tumoral (ARN-Seq) pour la classification précise des cancers. cette approche novatrice, est développée en Python, a démontré des performances prometteuses dans la classification de cinq types de cancer différents.

Diverses méthodes de prétraitement du signal ont été explorées, notamment la FFT-DCT, la transformée de Hilbert et le TEO. La combinaison de ces méthodes avec l'architecture de deep learning utilisée a conduit à des résultats prometteurs en termes de classification précise des différents types de cancer.

Ensuite, une base de données de signaux d'ARN a été utilisée pour entraîner notre modèle CNN afin de classifier les différents types de cancer. Les performances du modèle ont été comparées aux meilleures méthodes de prétraitement, en évaluant la précision, la perte, les graphiques et le rapport de classification. Les résultats de cette étude mettent en évidence l'importance de l'analyse des séquences d'ARN dans la classification des cancers. Les techniques de deep learning offrent une approche puissante pour exploiter les informations présentes dans ce type de signal.Les techniques de deep learning offrent une approche puissante pour exploiter les informations présentes dans ces types des signaux.

En conclusion, l'utilisation de l'intelligence artificielle, en particulier de l'apprentissage profond, a permis d'améliorer l'efficacité et la précision de la classification des cancers, offrant ainsi de nouvelles opportunités pour le développement de systèmes de diagnostic plus fiables. Elle souligne également l'importance de la collaboration entre les domaines de la biologie et de l'informatique pour faire progresser la recherche dans ce domaine. Nous espérons que nos résultats encourageront davantage de travaux de recherche et d'applications pratiques visant à améliorer la détection précoce et le traitement des cancers, contribuant ainsi à sauver des vies et à améliorer la qualité de vie des patients.

Les perspectives proposées à notre projet s'articulent autour de deux points :

1. L'utilisation des réseaux de neurones récurrents (RNN) dans la classification des séquences d'ARN qui permet de capturer et d'exploiter les motifs complexes présents dans ces séquences, ce qui contribue à une meilleure compréhension et prédiction de leur fonction et de leur activité.

2. Intégration de données multimodales : Les données générées à partir des séquences d'ARN peuvent être complémentaires à d'autres types de données moléculaires et cliniques, telles que les données génomiques, les données d'imagerie médicale et les données cliniques des patients.

Référence de Bibliographie

[1] N. e. M. K. e. a. personnes, "Artificial Intelligence Technique for Gene Expression by Tumor RNA-Seq Data: A Novel Optimized Deep Learning Approach," January 29, 2020,.

[2] N. Roos, "cellule,dermatologue," *journal des femmes,* journal 2021. [Online]. Available: https://sante.journaldesfemmes.fr/fiches-anatomie-et-examens/2691701-cellule-definition-role-composition-anomalie-infection/.

[3] A.-O. Boudraa, J.-C. Cexus, F. Salzenstein, and L. Guillon, "IF estimation using empirical mode decomposition and nonlinear Teager energy operator," in *First International Symposium on Control, Communications and Signal Processing, 2004.*, 2004: IEEE, pp. 45-48.

[4] G. Baudoin and J. Bercher, "Transformée de Fourier discrète," *Notes de cours, ESIEE, Paris, France,* 2001.

[5] N. Balacheff and M. Vivet, "Didactique et Intelligence Artificielle, chapitre Didactique et Intelligence Artificielle," *La pensée sauvage, Grenoble. N. Balacheff et M. Vivet (Eds.),* 1994.

[6] N. Balacheff, "Didactique et intelligence artificielle," *Recherches en didactique des mathématiques,* vol. 14, pp. 9-42, 1994.

[7] Priyadharshini. "What Is Machine Learning and How Does It Work?, Simplilearn." https://www.simplilearn.com/tutorials/machine-learning-tutorial/what-is-machine-learning (accessed.

[8] D. Febrianto, I. Soesanti, and H. Nugroho, "Convolutional neural network for brain tumor detection," in *IOP Conference Series: Materials Science and Engineering*, 2020, vol. 771: IOP Publishing, p. 012031.

[9] G. saint-cirgue, *apprendre le machine learning en une semaine*, 2019. [Online]. Available: https://gallery.mailchimp.com/3388ea9e390699643fbc661f1/files/57c9101e-5e64-4f43-b0fd-64aeeea9f9bc/Apprendre_le_ML_en_une_semaine.pdf

[10] D. O. PAPE, "cancer du sein, Elsan." [Online]. Available: https://www.elsan.care/fr/pathologie-et-traitement/cancers/cancer-du-sein-definition

[11] "Vidal ,Les symptomes et l'évolution du cancer du sein." [Online]. Available: https://www.vidal.fr/maladies/cancers/cancer-sein/symptomes-evolution.html

[12] D. A. F. Jean C. " Santé sur le Net,Cancer du rein " https://www.sante-sur-le-net.com/maladies/cancer/cancer-rein/ (accessed.

[13] V. V. d. B. e. a. personnes, *les traitements des cancers du poumon*, 2017. [Online]. Available: https://www.e-cancer.fr/Patients-et-proches/Les-cancers/Cancer-du-poumon/Les-points-cles. Accessed on: décembre 2017.

[14] Z. MIMOUNE and A. OUAHAB, "Développement d'une Architecture Basée sur l'Apprentissage Profond (Deep Learning) pour la Détection d'Intrusion dans les Réseaux," Université Ahmed Draïa-Adrar, 2019.

[15] *Les traitements du cancer de l'endomètre*, l. I. n. d. cancer, ed., 2013. Accessed on: Mai 2013.

[16] D. E. Sebban, "Les symptômes du cancer de l'endomètre, Chirurgien gynécologique et cancérologue," mai 3, 2022. [Online]. Available: https://www.docteur-eric-sebban.fr/cancer-uterus/diagnostic-cancer-uterus/symptomes/

[17] P. s. e. D.-K. Kang, "Could Decimal-binary Vector be a Representative of DNA Sequence for Classification?," septembre 2016 2016. [Online]. Available: https://www.researchgate.net/publication/309743553_Could_Decimal-binary_Vector_be_a_Representative_of_DNA_Sequence_for_Classification.

[18] E. Rachid, "One hot encoding DNA." [Online]. Available: https://elferachid.medium.com/one-hot-encoding-dna-92a1c29ba15a

[19] X. Z. e. a. parsonnes, "Comparing Machine Learning Algorithms with or without Feature Extraction for DNA Classification." [Online]. Available: https://www.researchgate.net/publication/345214812_Comparing_Machine_Learning_Algorithms_with_or_without_Feature_Extraction_for_DNA_Classification

[20] L. B. e. d. a. personnes, "Signatures of mutational processes in human cancer." [Online]. Available: https://www.nature.com/articles/nature12477#Fig3

[21] A. Chouchane, "Analyse d'images d'expressions faciales et orientation de la tête basée sur la profondeur," Université Mohamed Khider-Biskra, 2016.

[22] L. B. e. a. personnes, "Clock-like mutational processes in human somatic cells," 2015 December. [Online]. Available: https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC4783858/pdf/emss-67291.pdf

[23] "Mutational Signatures, Signatures of Mutational Processes in Human Cancer," March 2015. [Online]. Available: https://cancer.sanger.ac.uk/signatures/signatures_v2/

[24] F. R. e. G. Cybenkot, "Deep Learning ou Apprentissage Profond : qu'est-ce que c'est ?." [Online]. Available: https://datascientest.com/deep-learning-definition

[25] C. D. e. R. David, "Introduction à l'apprentissage profond (deep learning) de l'intelligence arti," 11/10/2021. [Online]. Available: https://culturesciencesphysique.ens-lyon.fr/ressource/IA-apprentissage-Rousseau.xml?fbclid=IwAR2PIASF9eZBKnI8EUCzvCFEDCDSvcDwe4dEMLqV-lvmTcJdEJc2FJAqQgA

[26] "L'IA pour le traitement du signal." https://fr.mathworks.com/solutions/deep-learning/deep-learning-signal-processing.html (accessed.

[27] "La compression D.C.T." http://compressionimage.free.fr/dct/ (accessed.

[28] S. A. Khayam, "The discrete cosine transform (DCT): theory and application," *Michigan State University,* vol. 114, no. 1, p. 31, 2003.

[29] B. Audoin and J. Roux, "Traitement de signal ultrasonore adapté à l'évaluation non destructive de matériaux dispersifs," *Revue de physique appliquée,* vol. 25, no. 10, pp. 1011-1017, 1990.

[30] D. Benitez, P. Gaydecki, A. Zaidi, and A. Fitzpatrick, "The use of the Hilbert transform in ECG signal analysis," *Computers in biology and medicine,* vol. 31, no. 5, pp. 399-406, 2001.

[31] Y. Préaux, "Contributions à l'analyse de l'opérateur d'énergie de Teager-Kaiser: application au traitement du signal," Brest, 2022.

[32] E. Kvedalen, "Signal processing using the Teager Energy Operator and other nonlinear operators," *Master, University of Oslo Department of Informatics,* vol. 21, 2003.

[33] M. REGGAD, A. SELMANI, and A. CHOUCHANE, "Face Kinship Verification Using Retinex Filter and Elliptical Mask based New Version of Gabor Filter," 2021.

[34] A. GACEM, Y. GUERNINA, and A. CHOUCHANE, "Reconnaissance de visage 3D basée sur les tenseurs et les descripteurs locaux," 2019.

[35] O. LAOUADI, W. ZOULIKHA, and A. CHOUCHANE, "Deep Convolutional Features to Improve Facial Kinship Verification," 2020.

[36] B. E. "Predicting House Prices Using Linear Regression along with GraphLab Create, Software Engineer at Kahoot." https://www.linkedin.com/pulse/predicting-house-prices-using-linear-regression-along-muhammet-ergenc/ (accessed 9,aout,2016, 2016).

[37] M. Banoula. "Supervised and Unsupervised Learning in Machine Learning,Research Analyst at Simplilearn." https://www.simplilearn.com/tutorials/machine-learning-tutorial/supervised-and-unsupervised-learning#what_is_unsupervised_learning (accessed.

[38] A. Pirrone, "Apprentissage profond auto-supervisé de métriques: application à la prédiction d'assemblage de fragments de papyrus," Université de Bordeaux, 2022.

[39] D. Locarnini, D. Perréard, and B. Sierra Paulino, "Implication des futurs techniciens en radiologie médicale dans l'élaboration d'un modèle d'intelligence artificielle dédié à la reconnaissance d'images radiologiques? Quel intérêt pour la formation?," 2020.

[40] M. R. A. Berkani, Z. Achir, and B. Bengherbia, "Etude et implémentation d'un système connecté intelligent pour la surveillance de l'état de santé des patients souffrant d'arythmie cardiaque," 2022.

[41] S. Samy, "Réseaux de neurones convolutionnels pour la détection précoce de la rétinopathie diabétique," Université Mouloud Mammeri, 2019.

[42] V. Mittal, "TOP 15 Deep Learning applications that will rule the world in 2018 and beyond," 3, octobre,2017. [Online]. Available: https://www.linkedin.com/pulse/top-15-deep-learning-applications-rule-world-2018-beyond-mittal

[43] M. ZERROUGUI and S. HAMADENE, "Détection de la tumeur cérébrales dans l'image IRM par l'Apprentissage en profondeur," Université Mohamed el-Bachir el-Ibrahimi Bordj Bou Arréridj Faculté de …, 2021.

[44] G. Aurélien, "Hands-on machine learning with scikit-learn & tensorflow," *Geron Aurelien,* 2017.

[45] N. Benkhaoua, N. Douik, and M. Rebiai, "Segmentation et classification des signaux des sons cardiaques et leurs utilisations au diagnostic," 2022.

[46] M. R. A. Berkani, Z. Achir, and B. Bengherbia, "Etude et implémentation d'un système connecté intelligent pour la surveillance de l'état de santé des patients souffrant d'arythmie cardiaque," Master's Degree original research study, Electrical Engineering Department, University Yahia Fares of Medea, 2022. [Online]. Available: dspace.univ-medea.dz/handle/123456789/8048

[47] M. BENREKIA, O. MEKHTICHE, and B. BENGHERBIA, "Etude et implémentation d'un système intelligent d'aide à la diagnostic automatique des défauts de roulements dans les machines tournantes," 2022.

[48] M. N. Tahir, "Classification and characterization of brain tumor MRI by using gray scaled segmentation and DNN," 2018.

[49] A. Adem, S. Sahraoui, and A. CHOUCHANE, "Automatic Kinship Verification under Unconstrained environment Based Deep Learning and Local features," 2020.

[50] H. RABAI, M. ABDELLATIF, and A. CHOUCHANE, "Multi-dimensional features for Person Re-identification based tensor analyses," 2022.

[51] A. BENZAIBAK, C. BOUDELLAL, and A. CHOUCHANE, "Person Re-identification Based CNN and Score Normalization," 2021.

[52] R. Yamashita, M. Nishio, R. K. G. Do, and K. Togashi, "Convolutional neural networks: an overview and application in radiology," *Insights into imaging,* vol. 9, pp. 611-629, 2018.

[53] M. Lin, Q. Chen, and S. Yan, "Network in network," *arXiv preprint arXiv:1312.4400,* 2013.

[54] A. Rosebrock, *Deep learning for computer vision with python: Starter bundle*. PyImageSearch, 2017.

[55] I. Saleh, "Les enjeux et les défis de l'Internet des Objets (IdO)," *Internet des objets,* vol. 1, no. 1, p. 5, 2017.

[56] Z. Dafri, "Réalisation d'un système basé sur Internet des Objets pour le contrôle des serres intelligentes," 2019.

[57] S. Matlab, "Matlab," *The MathWorks, Natick, MA,* 2012.

[58] P. F. Dubois, "Numerical Python." [Online]. Available: https://pubs.aip.org/aip/cip/article-abstract/10/3/262/136488/Numerical-Python?redirectedFrom=fulltext

[59] L. Rampasek and A. Goldenberg, "TensorFlow: biology's gateway to deep learning?," *Cell systems,* vol. 2, no. 1, pp. 12-14, 2016.

[60] G. Ciaburro, *Keras 2.x Projects*, 2018. [Online]. Available: https://www.google.dz/books/edition/Keras_2_x_Projects/xR2CDwAAQBAJ?hl=ar&gbpv=0. Accessed on: 31 2018 ديسمبر.

[61] K. Jolly, *Machine Learning with Scikit-learn Quick Start Guide*, 2018. [Online]. Available: https://www.google.dz/books/edition/Machine_Learning_with_scikit_learn_Quick/28t1DwAAQBAJ?hl=ar&gbpv=0.

[62] S. R. Poladi, *Matplotlib 3.0 Cookbook*, 2018. [Online]. Available: https://www.google.dz/books/edition/Matplotlib_3_0_Cookbook/14d0DwAAQBAJ?hl=ar&gbpv=0.

[63] Christos Ferles, Yannis Papanikolaou, and K. Naidoo. *Cancer Types: RNA Sequencing Values from Tumor Samples/Tissues*, doi: 10.17632/sf5n64hydt.1.

[64] N. E. M. Khalifa, M. H. N. Taha, D. E. Ali, A. Slowik, and A. E. Hassanien, "Artificial intelligence technique for gene expression by tumor RNA-Seq data: a novel optimized deep learning approach," *IEEE Access,* vol. 8, pp. 22874-22883, 2020.

[65] B. Lyu and A. Haque, "Deep learning based tumor type classification using gene expression data," in *Proceedings of the 2018 ACM international conference on bioinformatics, computational biology, and health informatics*, 2018, pp. 89-96.