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 de **G**énie des **P**rocédés et **E**nvironnement

En vue de l'obtention du diplôme de MASTER en Génie des Procédés

Filière : Génie des Procédés
Spécialité : Génie Chimique

Modélisation de l'hémodialyse

Présenté par :

- M^elle^ MOULAI MOSTEFA Manel
- M^elle^ TASSIST Rania

Devant le jury composé de :

Nom & Prénom	Grade & Etablissement	En Qualité de
M^me^. KHAOUANE Latifa	Professeur, UYFM	Présendente
M^me^. CHABA MOUNA Siham	Maitre de conférence classe B, UYFM	Examinatrice
Mr. IBRIR Abdellah	Docteur, UYFM	Examinatreur
Mr. HANINI Salah	Professeur, UYFM	Co-promoteur
M^elle^. AMMI Yamina	Maitre de conférences classe A, UYFM	Promotrice

Promotion 2022-2023


بسم الله الرحمن الرحيم

Dédicaces

À mon père,

pour son inébranlable confiance en moi tout au long de ma vie, pour m'avoir soutenue, m'avoir encouragée, accompagnée, jour après jour.

Pour tes réveils à l'aube pour prier pour moi. Merci de tout l'amour que tu me portes.

A ma mère

Pour ton soutient infaillible, ta présence durant toutes ces années, pour ta grande patience face mon caractère changeant lors des périodes de révision. Un immense merci pour tout amour inlassable. Je te dois tout maman.

A mes chères sœurs

Pour leurs soutiens et leur encouragement.

A ma famille et a tout qui mon aidé de près et de loin

A ma chère binôme Manel

A mes chères amies

Rania

Dédicaces

À ma chère mère

Qui a cru en moi, qui a été et est toujours mon soutien, qui a été ma sœur, mon amie, ma compagne, et tout ce qui est beau dans ma vie.

À mon cher père

Qui a toujours travaillé pour ma réussite et mon bonheur.

Il a toujours été fier de moi dans mon succès ou ma défaite. Qui était et est toujours mon soutien dans toutes mes circonstances.

À mon cher frère Sidali

Qui je sais que sans lui je ne vaux rien

Qui m'a encouragé le jour de mon désespoir, qui ne m'a jamais fait de mal, et qui a été pour moi le meilleur frère, le meilleur ami et le meilleur soutien.

À mes chères sœurs Meriem et Malek

À ma chère Hiba

Malgré les distances, Si Allah le souhaite, elle demeurera parmi nous, partageant nos joies et nos peines.

À ma chère amie Rania.

Qu'Allah vous le tous protège.

Manel

Remerciements et gratitude

Nous souhaitons exprimer notre gratitude à notre Seigneur, Allah, qui est la source de toute connaissance et qui nous a donné la force et la patience pour mener à bien ce travail.

Nous sommes également profondément reconnaissants envers notre superviseur, le ***Dr. AMMI Yamina****, pour son soutien, sa disponibilité, son écoute et ses conseils tout au long de ce projet. Nous remercions également notre co-directeur de thème, le* ***Professeur HANINI Salah****, pour son appui et sa contribution à la réussite de ce travail.*

Nous aimerions également remercier les membres du jury, à savoir Madame ***Latifa KHAOUANE****, Professeur à l'UYFM, Madame Siham* ***CHABA MOUNA****, maître de conférences classe B et Monsieur* ***IBRIR AbdeLLah*** *docteur à l'UYFM, pour leur honneur et leur plaisir d'accepter et d'évaluer notre travail.*

Nous tenons également à exprimer notre profonde gratitude envers Monsieur ***BOUDISSA Kouider****, l'infirmier dévoué, ainsi que Monsieur* ***IRKI,*** *le chef du service d'hémodialyse de l'hôpital de Médéa., ainsi que tous les membres de l'équipe travaillant dans ce domaine, pour leur précieuse contribution à notre étude.*

Enfin, nous tenons à remercier toutes les personnes qui ont contribué, de près ou de loin, à la réalisation de ce travail.

ملخص
نمذجة غسيل الكلى

الهدف المحدد لهذا العمل هو تطوير نموذج عصبي اصطناعي من نوع feedforward (RN) الأمثل لنمذجة الغسيل الكلوي.
نموذج عصبي مثالي من نوع RN يتميز ببنية (تسعة خلية عصبية في طبقة المدخلات، خمسة عشر خلية عصبية في الطبقة المخفية واثنان من الخلايا العصبية في طبقة الخروج) من أجل التنبؤ بعملية الغسيل الكلوي. تم استخدام مجموعة من 108 نقطة بيانات لاختبار الشبكة العصبية. تم استخدام 60٪ و20٪ و20٪ من مجموعة البيانات للتعلم والتحقق والاختبار على التوالي. للنموذج الواعد للشبكة العصبية، تمت مقارنة القيم المتوقعة لمرحلة الاختبار بالقيم التجريبية، وتم العثور على ارتباطات جيدة (معامل الارتباط0.9994= R " ومتوسط الخطأ التربيعي الجذري REQM=1.7819mg/l"). كشف تحليل الحساسية من خلال طريقة الوزن مساهمة وتباين كل متغير من متغيرات المدخلات (صوديوم، بوتاسيوم، كريات حمراء، كريات بيضاء، هيموغلوبين، وزن الدخول، وزن الخروج، المساحة، الوقت وتدفق المضخة) على المخرجات (اليوريا والكرياتينين).

الكلمات المفتاحية: النمذجة، الغسيل الكلوي، الشبكة العصبية الاصطناعية.

Abstract
Modeling of hemodialysis

The objective assigned to this work is to develop a feedforward neuronal network model optimal (NN) for modeling hemodialysis.
An optimal NN characterized by a structure (nineteen neurons in the input layer, fifteen neurons in the hidden layer, and two neurons in the output layer) is constructed in order to model the process of hemodialysis. A set of 108 data points was used to test the neural network. 60%, 20%, and 20% of the dataset were used for training, validation, and testing respectively. For the most promising neural network model, the calculated values from the test phase were compared to the measured values, and good correlations were found (the correlation coefficient "R = 0.9994" and the root mean square error "RMSE = 1.7819mg/l"). Sensitivity analysis by the weight method revealed the contribution and variation profile of each input variable (Na, K, GB, GR, HGB, input weight, area, time, and pump flow) on the outputs (urea, creatinine) of the $NN_{optimal}$ network.

Keywords : Modeling, hemodialysis, artificial neural networks.

Résumé
Modélisation de l'hémodialyse

L'objectif assigné à ce travail est d'élaborer un modèle RN optimal pour modélisation de l'hémodialyse.
Un modèle neuronal optimal de type feedforward (RN) caractérisé par une structure (neuf neurones dans la couche d'entrée, quinze neurones dans la couche cachée et deux neurones dans la couche de sortie) est construits dans le but de modéliser le processus de l'hémodialyse. Un ensemble de 108 points de données a été utilisé pour tester le réseau de neurones. 60%, 20% et 20% de l'ensemble de données a été utilisée respectivement pour l'apprentissage, la validation et le test. Pour le modèle le plus prometteur de réseau neurone, les valeurs calculées de la phase test ont été comparées aux valeurs mesurées, de bonnes corrélations sont été trouvées (le coefficient de corrélation "*R* =0.9994" et la racine d'erreur quadratique moyenne "REQM = 1.7819mg/l"). L'analyse de sensibilité par la méthode de poids a révélé la contribution et le profil de variation de chaque variable d'entrée (Na, K, GB, GR, HGB, poids d'entrée, surface, temps et débit de la pompe) sur les sorties (urée, créatinine) du réseau $RN_{optimal.}$

Mots-clés : Modélisation, hémodialyse, réseaux de neurones artificiels.

Abréviations i
Nomenclature et symboles ii
Liste des tableaux iii
Liste des figures iv

Introduction générale 1

Chapitre I. Généralité sur l'hémodialyse

I.1. Introduction 3
I.2. Reins Naturels 3
I.3. Insuffisance Rénale 4
I.3.1. Insuffisance Rénale Chronique 5
I.3.2. Insuffisance Rénale Aiguë 5
I.4. Dialyse 5
I.4.1. Dialyse Péritonéale 6
I.4.2. Hémodialyse 6
I.4.2.1. Matériels utilisés en hémodialyse 7
A. Dialyseur 7
B. Générateur de dialyse 8
I.4.2.2. Composition du dialysat 9
I.4.3. Abord vasculaire pour hémodialyse 10
I.4.3.1. Fistule artério-veineuse 10
I.4.3.2. Cathéter d'hémodialyse 11
I.5. Séance hémodialyse 11
I.5.1. Avant la séance 12
I.5.2. Pendant la séance 12
I.5.3. Fin de la séance 12
I.6 Statistiques de la maladie rénale chronique en Algérie 13
I.7. Conclusion 14

Chapitre II. Réseaux de neurones artificiels

II.1. Introduction 15
II.2. Historique 15
II.3. Réseaux de neurones artificiels (RNA) 16
II.3.1. Neurone biologique 16
II.3.2. Neurone formel 16
II.3.3. Correspondance neurone biologique/formel 19
II.3.4. Architecture d'un réseau de neurones 19
II.3.5. Apprentissage des réseaux de neurones 20
II.3.5.1. Apprentissage non supervisé 21
II.3.5.2. Apprentissage supervisé 21
II.3.5.3. Apprentissage forcé ou imposé 22
II.4. Réseaux de neurones les plus utilisés 22
II.4.1. Perceptron monocouche (perceptron simple) 23
II.4.2. Perceptron multicouche (en anglais Multi Layer Perceptron) 23
II.4.3. Réseaux à fonction radiale 24
II.4.4. Cartes auto-organisatrices de Kohonen (SOM) 24
II.4.5. Réseaux de Hop Field 24
II.4.6. Réseaux ART 25

II.5. Conception d'un modèle neuronal 25
II.5.1. Détermination des entrées/sorties du réseau de neurones 25
II.5.2. Construction de la base de données et choix des échantillons 26
II.5.3. Définition de la structure du réseau 26
II.5.3.1. Nombre de couches cachées 27
II.5.3.2. Nombre de neurones cachés 27
II.5.4. Apprentissage 27
II.5.5. Evaluation des performances du réseau de neurones 30
II.5.6. Limites 30
II.6. Conclusion 31

Chapitre III. Modélisation de l'hémodialyse

III.1. Introduction 32
III.2. Collecte des données, prétraitement et analyse 32
III.3. Développement des modèles RNA 37
III.4. Performance des modèles neuronaux 39
III.5. Expressions mathématiques de modèle neuronal optimal 45
III.6. Analyse de sensibilité par la méthode de "poids" 47
III.7. Diagnostic des points aberrants et domaine d'applicabilité du modèle neuronal optimisé 50
III.8. Conclusion 53

Conclusion générale et perspectives 54
Références bibliographiques 56

Symbole	Signification
ART	Adaptive Résonance Theory
BD	Base de Données
DPA	Dialyse péritonéale automatisée
DPCA	Dialyse péritonéale continue ambulatoire
DS	Déviation Standard
FAV	Fistule artérioveineuse
FFNN	Feed Forward Neuronal Network
H*	Levier critique
IR	Importance Relative
IRA	Insuffisance Rénale Aigue
IRC	Insuffisance Rénale Chronique
PMC	Perceptron Multi-Couches
RFR	Réseaux à fonction de base Radiale
RN	Réseaux de Neurones
RNA	Réseaux de Neurones Artificiels
SOM	Cartes Auto-organisatrices de kohonen
UF	Ultrafiltration

Nomenclatures et symboles

Lecture	Désignation	Unité
b	Biais d'un neurone artificiel	(-)
Ei	I ème entrée du modèle	(-)
EAM	Erreur Absolue Moyenne	(mg/l)
ESP	Erreur Standard de Prédiction	(%)
GB	Globules blancs	(* 10^9/L)
GR	Globules rouges	(* 10^12/L)
HGB	Hémoglobine	(g/dl)
K	Potassium	(mmol/L)
Na	Sodium	(mmol/L)
R	Coefficient de corrélation	(-)
r	Coefficient de corrélation de Pearson	(-)
REQM	Erreur Quadratique Moyenne	(mg/l)
W	Poids synaptique de la connexion du neurone	(-)
Zj	Sortie de la couche cachée	(-)

Lettres Grecques

Lecture	Désignation	Unité
α	Pente de la droite du meilleur ajustement linéaire	(-)
β	Ordonnée à l'origine de la droite du meilleur Ajustement linéaire	(-)

Exposants

Cal	Calculée
Exp	Expérimentale
h	Cachée (Hidden)
I	Entrée (Input)
O	Sortie (Output)

Indices

Lecture	Désignation
i	Élément i d'un vecteur
exp	Expérimentales
cal	Calculées
j	Élément j d'un vecteur
Max	Maximum
Min	Minimum
$\bar{x}$	Moyenne

Chapitre I. Généralité sur l'hémodialyse

Tableau I.1	Evolution de la prévalence de l'insuffisance rénal chronique en Algérie millions d'habitant.	13
Tableau I.2	Répartition des patients dialysés selon l'âge en 2019.	14

Chapitre II. Réseaux de neurones artificiels

Tableau II.1	Fonctions de transfert usuelles, a=f(n)	18
Tableau II.2	Correspondance neurone biologique/formel	19
Tableau II.3	Résumé des caractéristiques des algorithmes d'apprentissage de rétropropagation implantés dans MATLAB®.	29

Chapitre III. Modélisation de l'hémodialyse

Tableau III.1	Matrice des coefficients de corrélation de Pearson pour la base de données (BD).	34
Tableau III.2	Entrées et sorties utilisées pour le développement des modèles RN (RN1, RN2, RN3, RN4).	35
Tableau III.3	Analyse statistique des données d'entrée et de sortie (BD).	36
Tableau III.4	Effet de nombre de neurone cachés avec fonction de transfert "tansig".	40
Tableau III.5	Effet de nombre de neurone cachés avec fonction de transfert "logsig".	41
Tableau III.6	Structure des modèles RN optimal.	42
Tableau III.7	Vecteurs de régression linéaire issue de l'équation linéaire : [équation linéaire : $y^{cal} = \alpha y^{exp} + \beta$, $\boldsymbol{\alpha}$(pente), $\boldsymbol{\beta}$ (ordonnée à l'origine), $\boldsymbol{R}$ (coefficient de corrélation)] et la racine de l'erreur quadratique moyenne ($\boldsymbol{REQM}$).	44
Tableau III.8	Poids et biais du $RN_{optimal}$.	46

Chapitre I. Généralité sur l'hémodialyse

Figure I.1	Structure du rein	4
Figure I.2	Schéma de l'hémodialyse	6
Figure I.3	Dialyseurs	7
Figure I.4	Générateur de dialyse	9
Figure I.5	Dialysat	10
Figure I.6	Fistule artério-veineuse	10
Figure I.7	Cathéter d'hémodialyse	11
Figure I.8	Implantation d'un cathéter d'hémodialyse dans le cou d'un patient.	11
Figure I.9	Répartition des patients dialysés par sexe au 30 juin 2019	14

Chapitre II. Réseaux de neurones artificiels

Figure II.1	Neurone biologique	16
Figure II.2	Neurone formel	17
Figure II.3	Structure d'un réseau de neurones non bouclé	19
Figure II.4	Structure d'un réseau de neurones bouclé (récurent)	20
Figure II.5	Principe d'apprentissage non supervisé	21
Figure II.6	Principe d'apprentissage supervisé	22
Figure II.7	Réseaux de neurones les plus utilisés	23

Chapitre III. Modélisation de l'hémodialyse

Figure III.1	Hôpital Mohamed Boudiaf Médéa	32
Figure III.2	Créatinine et urée expérimentales en fonction de poids d'entrées des patients	37
Figure III.3	Organigramme de développement et l'optimisation de l'architecture d'un RNA	38
Figure III.4	Comparaison entre les valeurs expérimentales et les valeurs calculées pour $RN_{optimal}$: (a) la phase d'apprentissage, (b) la phase de validation, (c) la phase de test et (d) la phase totale	43
Figure III.5	Performances de modèle neuronal $RN_{optimal}$ pour la phase totale.	44
Figure III.6	Représentation schématique du $RN_{optimal}$	45
Figure III.7	Architecture finale du réseau de neurone optimal de type feedforward.	47
Figure III.8	Organigramme de la méthode de "poids"	48
Figure III.9	Présentation des pourcentages de l'importance relative (*IR*) de chaque variable d'entrée sur créatinine (a), urée (b)	50
Figure III.10	Diagnostic des données potentiellement suspectes et domaine d'applicabilité du Modèle neuronal optimal "$RN_{optimal}$" pour la phase totale pour l'urée (a) et pour la créatinine (b)	52

Introduction générale

L'insuffisance rénale chronique est la dernière voie commune d'un certain nombre de maladies rénales. Les choix pour un patient souffrant d'insuffisance rénale sont les traitements de dialyse chronique (l'hémodialyse, la dialyse péritonéale) et la transplantation rénale. Dans le monde, des centaines de milliers de patients sont actuellement traités par hémodialyse, en raison du nombre limité de donneurs, de l'âge ou de la maladie co-existant du patient. Les thérapies de dialyse clinique de routine sont encore coûteuses et de longue durée. De nombreuses facettes du syndrome urémique ne sont pas améliorées, entraînant une mortalité élevée sous dialyse et cela est généralement attribué à l'hémocompatibilité insuffisante des membranes d'hémodialyse. Afin de minimiser les réactions indésirables entre le sang et la surface de la membrane et de raccourcir le temps de traitement, de nombreuses membranes à flux élevé et modules de membranes sont en cours de développement pour les hémodialyseurs. Les propriétés structurelles des membranes nouvellement développées et la conception des modules doivent être optimisées en testant leurs performances avant de les utiliser dans des applications cliniques (Erbil Abaci and Altinkaya 2010).

L'optimisation nécessite une expérimentation approfondie par essais et erreurs, ce qui est généralement coûteux et prend du temps. Cette difficulté peut être largement surmontée par des modèles précis et fiables qui peuvent également être utilisés pour optimiser les deux conditions de fonctionnement pour les applications cliniques de routine.

La révolution de l'informatique et le développement de nouvelles méthodes de calcul numérique basés sur l'intelligence artificielle et les sciences cognitives ont donné naissance durant les dernières décennies à de nouvelles méthodes de calcul et de modélisation telles que les réseaux de neurones artificiels "RNA", les algorithmes génétiques, les support vecteur machines et la logique floue. L'efficacité, la fiabilité et la robustesse de ces méthodes par rapport aux difficultés de l'utilisation des approches classiques ont été démontrées par leurs nombreuses applications dans le domaine de génie des procédés (Benrekia et Boulanouar 2022).

Le principal avantage des RNA, comparé aux modèles de connaissance classique, est leur capacité à modéliser ces procédés sans avoir une connaissance approfondie de la phénoménologie mise en jeu. Un autre avantage important des RNA, comparé à d'autres approximateurs universels tels que les régressions linéaires ou polynomiales, est qu'ils sont des approximateurs non-linéaires parcimonieux, permettant une modélisation de procédés non-linéaires quel que soit le nombre de paramètres indépendants utilisés (Ammi et al. 2022).

L'objectif de ce travail est l'application des RN de type feedforward pour modéliser l'hémodialyse. Ainsi, nous avons organisé ce mémoire en trois chapitres :

- ✓ Le premier chapitre est consacré aux généralités sur l'hémodialyse. Nous présenterons les généralités des reins naturels, l'insuffisance rénale chronique (IRC) et aigué (IRA). Ensuite nous décrirons la dialyse péritonéale et hémodialyse, les matériels utilisés, les compositions du dialysat et les fistules artérioveineuses et les cathéters d'hémodialyses, les statistiques de la maladie rénale chronique en Algérie. Nous terminerons ce chapitre par le déroulement des séances avant, pendant et après de l'hémodialyse.

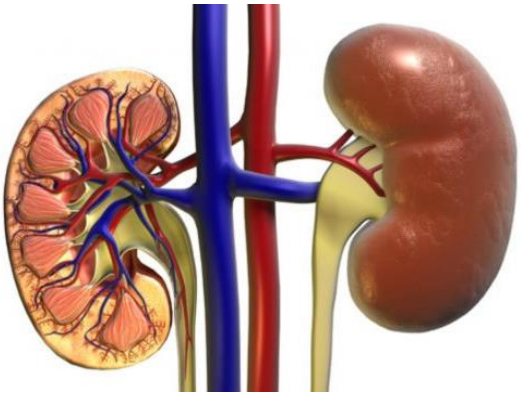
- ✓ Le deuxième chapitre est dédié à la présentation des réseaux de neurones artificiels.

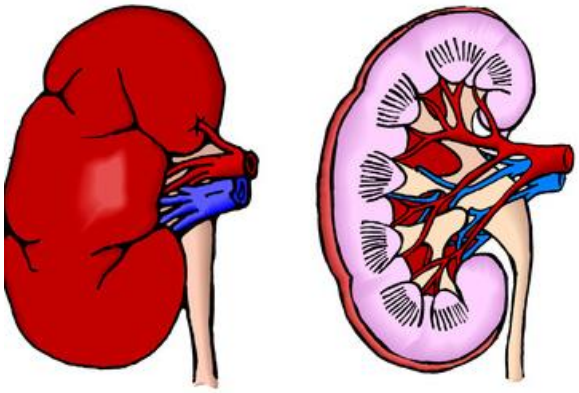
- ✓ Nous présentons dans le troisième chapitre la modélisation de l'hémodialyse. Il comptera six parties : la première partie présente la collecte des données, prétraitement et analyse, la deuxième partie sera consacrée au développement des modèles neuronaux, nous discuterons les performances des modèles neuronaux dans la troisième partie, les expressions mathématiques de modèle neuronal optimal seront abordées dans la quatrième partie, nous traiterons dans la cinquième partie l'analyse de sensibilité par la méthode de poids et dans la dernière partie nous discuterons le diagnostic des points aberrants et domaine d'applicabilité du modèle neuronal optimise.

- ✓ Les conclusions tirées de ce travail ainsi que les études qui peuvent être envisagées à l'avenir sont présentées à la fin de ce thème.

Chapitre I

Généralité sur l'hémodialyse





I.1. Introduction

L'hémodialyse est un traitement médical utilisé pour aider à éliminer les déchets et l'excès de liquide du sang chez les personnes atteintes d'insuffisance rénale chronique. Cette procédure utilise une machine de dialyse qui filtre le sang en retirant les déchets et l'excès de liquide, puis renvoie le sang propre dans le corps.

Le processus d'hémodialyse est généralement effectué trois fois par semaine, chaque session durant plusieurs heures. Lors d'une séance d'hémodialyse, le patient est connecté à la machine de dialyse via un accès vasculaire (un cathéter ou un accès fistule) qui permet au sang d'entrer et de sortir de la machine. L'hémodialyse est une procédure très importante pour les personnes souffrant d'insuffisance rénale chronique, car elle permet de maintenir un équilibre sain de fluides et d'électrolytes dans le corps. Cependant, cette procédure peut également entraîner des effets secondaires tels que des crampes musculaires, une hypotension artérielle et une fatigue (Sharmela Sahathevan et al. 2020).

Afin de comprendre le contexte du travail présenté dans ce mémoire, nous présenterons les généralités des reins naturels, l'insuffisance rénale chronique (IRC) et aigué (IRA). Ensuite nous décrirons la dialyse péritonéale et hémodialyse, les matériels utilisés, les compositions du dialysat et les fistules artérioveineuses et les cathéters d'hémodialyses, les statistiques de la maladie rénale chronique en Algérie. Nous terminerons ce chapitre par le déroulement des séances avant, pendant et après de l'hémodialyse.

I.2. Reins naturels

Les reins sont des organes puissants qui jouent un rôle vital en gardant le corps humain en santé. Qui plus est, ils exercent non pas une ni deux, mais bien trois fonctions essentielles à notre organisme.

D'abord, ils régulent la quantité d'eau dans nos systèmes organiques. Pour bien travailler, notre corps a besoin d'une quantité d'eau bien précise; les reins ont pour rôle de maintenir la quantité d'eau nécessaire à son bon fonctionnement et d'éliminer le surplus.

Les reins éliminent aussi les déchets et les toxines. Pour que l'organisme fonctionne correctement, il doit maintenir les minéraux et les autres substances présents dans le sang et les liquides corporels à un niveau adéquat. Les reins aident à éliminer le surplus de minéraux comme le sodium, le potassium et le phosphore, et les déchets comme l'urée (résultat de la dégradation des protéines) et les acides.

Mais le travail phénoménal des reins ne s'arrête pas là. Les reins produisent des hormones qui contribuent à réguler la tension artérielle, à produire des globules rouges et à maîtriser le taux de calcium dans l'organisme (Rayane 2009).

Les reins sont deux petits organes situés tout juste sous la cage thoracique de part et d'autre de la colonne vertébrale. Les deux reins filtrent environ 120 litres de sang par jour, produisant 1 à 2 litres d'urine, composée de déchets et de surplus de liquide.

Un petit tube, appelé « uretère », relie chaque rein à la vessie; les uretères transportent l'urine vers la vessie où elle est entreposée jusqu'à ce que la personne soit prête à l'éliminer.

Chaque rein est fait d'environ un million de néphrons, qui filtrent le sang pour débarrasser le corps des déchets et des toxines. Les néphrons réacheminent dans la circulation les minéraux dont l'organisme a besoin, et élimine les déchets inutiles (Rayane 2009). La figure suivante représente la structure du rein humain.

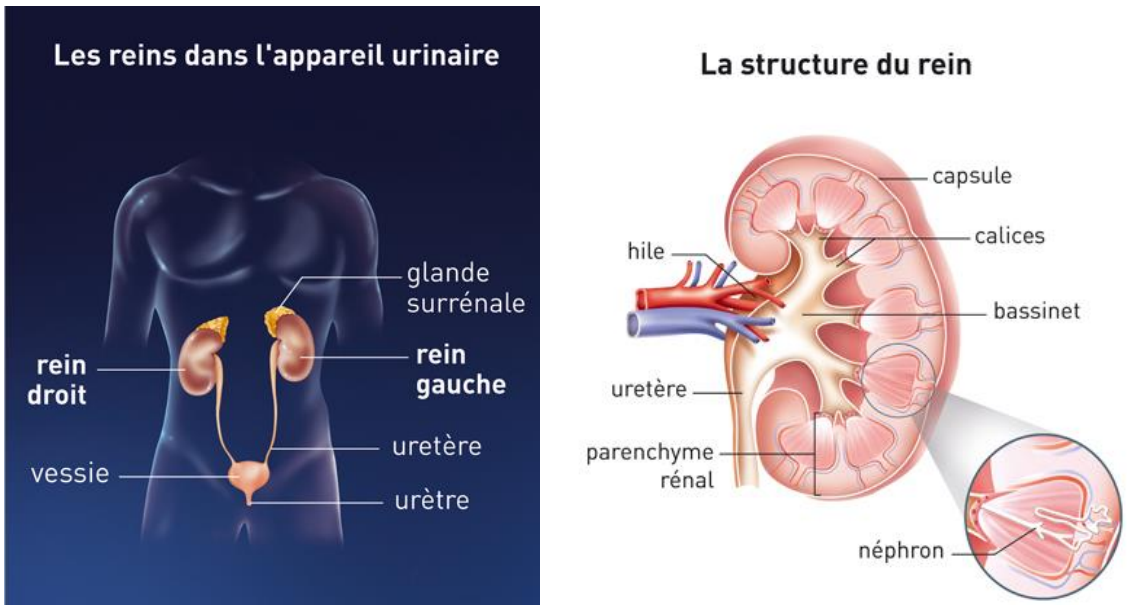


Figure I.1. Structure du rein (https://www.e-cancer.fr/).

I.3. Insuffisance rénale

L'insuffisance rénale désigne la diminution plus ou moins importante des fonctions des reins. Sa définition est biologique : elle se traduit par une augmentation de l'urée et de la créatinine dans le sang. Le rein étant un organe vital dans la création d'hormones et l'épuration des déchets néfastes de notre corps, sa perte d'efficacité partielle ou totale entraîne d'énormes bouleversements sur notre vie quotidienne (diurèse, vitalité, santé, …). Deux types d'insuffisance rénale peuvent être définis(https://www.francerein.org/).

I.3.1. Insuffisance rénale chronique

L'insuffisance rénale chronique (IRC) est déclarée à partir du moment où les reins cessent de fonctionner de manière irréversible. Il est cependant possible, si la maladie est détectée assez tôt, de ralentir son évolution pour retarder l'entrée en dialyse ou dans certains cas, de programmer en amont une greffe sans passer par la dialyse (greffe préemptive). Lorsque l'IRC est parvenue à un stade très avancé, le patient doit, pour remplacer les fonctions vitales des reins, dialyser ou recevoir une greffe de rein, afin de nettoyer les impuretés qui s'emmagasinent dans son sang (https://www.francerein.org/).

I.3.2. Insuffisance rénale aiguë

L'insuffisance rénale aiguë (IRA) survient de façon brutale, le plus souvent après une chute transitoire de la pression artérielle, lors d'une hémorragie, d'une infection générale, d'une intoxication… Elle peut aussi survenir lorsqu'il existe un blocage au niveau des voies urinaires. Dans le premier cas, les reins sont privés de sang pendant un certain temps, ce qui va léser les néphrons. Il faut quelques jours pour qu'ils retrouvent spontanément leur état antérieur et leur fonctionnement normal. L'insuffisance rénale aiguë est habituellement totalement réversible mais pendant la durée de l'IRA le patient doit dialyser afin de purger son corps des déchets métaboliques (https://www.francerein.org/).

I.4. Dialyse

La dialyse est un principe d'épuration sanguine. C'est une méthode d'échanges entre deux solutions, le sang et un liquide appelé « dialysat », au travers d'une membrane semiperméable. Cette membrane possède de multiples trous ou pores permettant le passage des molécules d'eau et de solutés de petit poids moléculaire (les solutés de poids moléculaire élevé comme les protéines plasmatiques, ne peuvent pas traverser cette membrane) (https://sofia.medicalistes.fr).

La dialyse est une technique d'épuration qui repose sur l'utilisation d'une membrane semi préalable. Suivant que la dialyse se fait extracorporelle et intracorporelle on distingue plusieurs types (Djerroud 2021) :

- ✓ Intracorporelle : la dialyse péritonéale
- ✓ Extracorporelle : l'hémodialyse et aussi l'hémofiltration et l'hémodiafiltration.

I.4.1. Dialyse péritonéale

La dialyse péritonéale est plus particulièrement indiquée chez l'adulte jeune en attente d'une greffe rénale et concerne plus de 5 % des patients. Cette méthode repose sur l'injection d'un dialysat dans la cavité abdominale grâce à un cathéter implanté chirurgicalement. Les échanges de solutés s'effectuent à travers la membrane péritonéale. Le dialysat, une fois saturé en urée, créatinine et autres molécules, est éliminé. Ces manipulations sont renouvelées manuellement en moyenne quatre fois par jour (dialyse péritonéale continue ambulatoire ou DPCA) ou réalisées par un appareil automatisé nommé « cycleur », le traitement s'effectuant alors durant la nuit (dialyse péritonéale automatisée ou DPA). La dialyse péritonéale est réalisée à domicile soit par le patient lui-même, par un proche ou par un cabinet d'infirmiers libéraux après une période d'apprentissage (https://sofia.medicalistes.fr).

I.4.2. Hémodialyse

Le principe consiste, à travers une membrane semi-perméable, ne laissant passer que l'eau et les substances dissoutes de petit poids moléculaire (poids moléculaire inférieur à 70 000), à mettre en contact le sang du patient avec une solution de composition adaptée, appelée le dialysat. Les échanges se font selon deux modalités : par diffusion (dialyse proprement dite), selon un gradient de concentration et par convection (ou ultrafiltration), selon un gradient de pression.

L'hémodialyse peut être pratiquée en centre (hôpital, clinique) ou dans le cadre d'alternatives (centre d'autodialyse, hémodialyse à domicile). Dans la mesure du possible, tant pour des raisons de meilleure intégration sociale que de coût (L'infirmière en néphrologie 2009), la Figure suivante représente le schéma de l'hémodialyse.

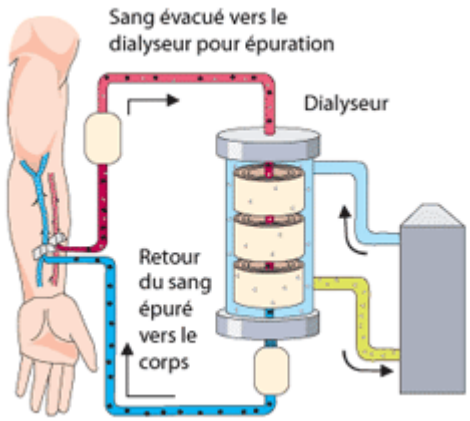


Figure I.2. Schéma de l'hémodialyse (https://www.hug.ch/).

I.4.2.1. Matériels utilises en hémodialyse

A. Dialyseur

Un dialyseur est un appareil qui remplace la fonction d'un rein sain en filtrant le sang du patient de façon extracorporelle. Le dialyseur contient 20 000 fibres polysulfone poreuses qui constituent une surface d'échange de 1.5 m² par dialyseur (Canaud et al. 2009). (Figure I.3)

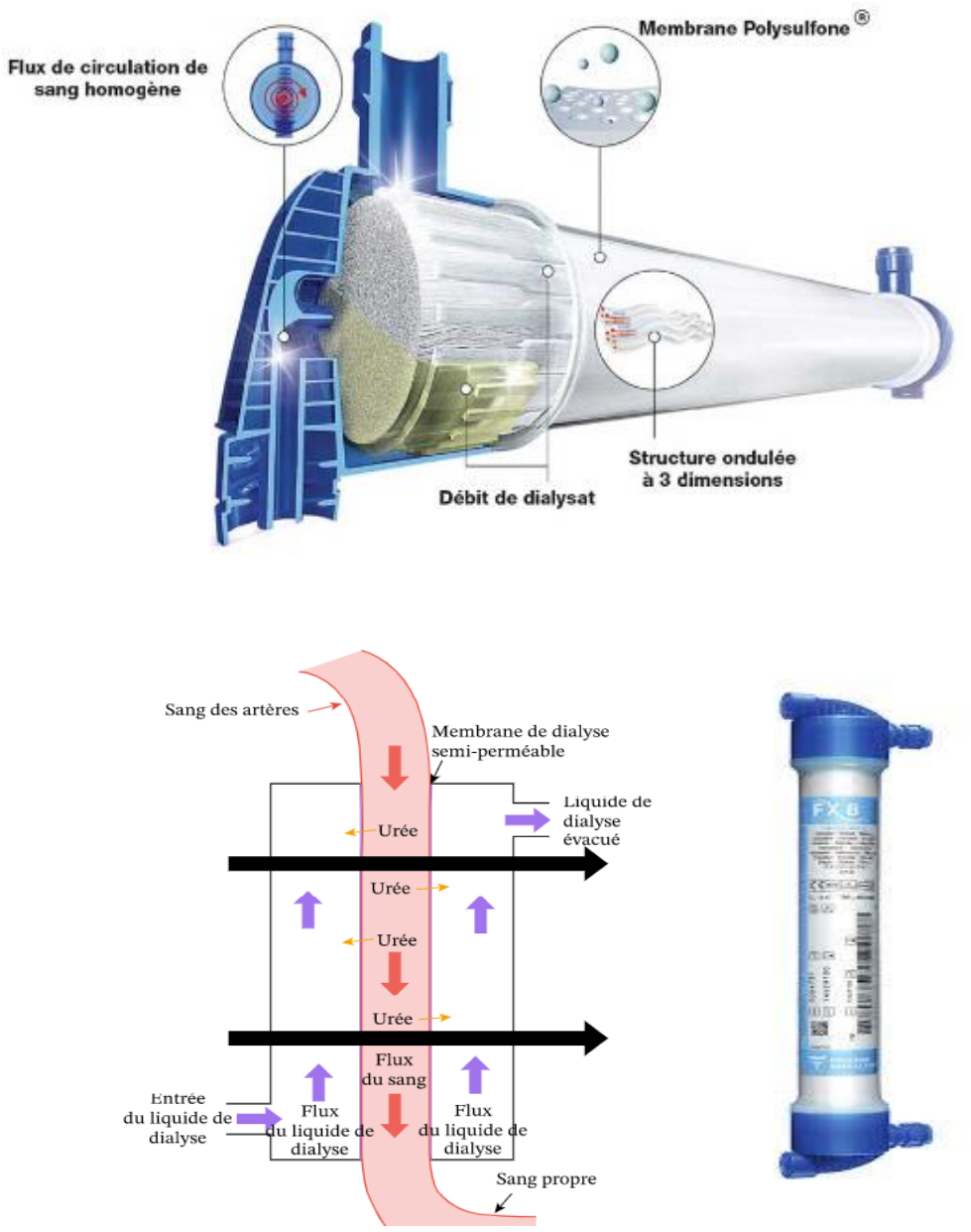


Figure I.3. Dialyseurs (https://www.freseniusmedicalcare.ch/fr).

À l'intérieur du dialyseur, le sang du patient circule à travers un tube semi-perméable "membrane". À l'extérieur des tubes se trouvent un liquide spécialement conçu appelé liquide de dialyse est aussi appelé dialysat. Le dialysat circule à contre-courant à l'extérieur de ces fibres. Ce dispositif permet les échanges entre les deux compartiments intérieurs et extérieurs. Ce passage répété tout le long de la séance de dialyse débarrasse le sang des déchets toxiques, corrige les anomalies biologiques et élimine l'excédent d'eau accumulé dans l'organisme (Canaud et al. 2009).

- **Diffusion**

Le transfert des solutés par diffusion au travers de la membrane de dialyse relève d'un mouvement des molécules contenues dans la solution. Si la molécule rencontre un pore dont la taille correspond à la sienne, elle traversera la membrane. Le gradient de concentration du soluté de part et d'autre de la membrane est le déterminant principal de la diffusion des molécules : plus la solution a une concentration élevée plus les molécules traversent la membrane en direction de la solution dont la concentration en solutés est la plus basse. Les déchets de bas poids moléculaire (urée, créatinine, potassium, etc.) qui s'accumulent dans le sang du malade entre deux séances, sont éliminés avec le dialysat en fin de séance. Le transfert des solutés du sang vers le dialysat est rapide, la concentration en calcium dans le dialysat étant plus élevée que celle du calcium ionisé dans le sang, la séance permet un transfert de calcium vers le sang du malade (le calcium lié aux protéines ne diffuse pas). Il en est de même pour le bicarbonate(https://sofia.medicalistes.fr).

- **Ultrafiltration**

Il s'agit du transfert des molécules d'eau à travers la membrane sous l'effet d'une pression hydrostatique (dans le cas de l'hémodialyse) ou osmotique (dans le cas de la dialyse péritonéale). Cette technique permet d'éliminer l'eau (constituant une charge hydrosodée), accumulée par le patient oligurique ou anurique entre deux dialyses(https://sofia.medicalistes.fr).

B. Générateur de dialyse

Appareil qui, au cours du traitement par hémodialyse assure d'une part la préparation du dialysat et d'autre part la circulation du sang et du dialysat à travers le dialyseur. Il est souvent équipé d'un moniteur de surveillance qui permet en particulier de programmer et contrôler le volume de l'ultrafiltration (Djerroud 2021). La figure suivante montre le générateur de dialyse.



Figure I.4. Générateur de dialyse.

I.4.2.2. Composition du dialysat

Le liquide de dialyse est une solution électrolytique dont la composition est très proche de celle du liquide extracellulaire normal. Toutefois, cette composition est calculée de manière à anticiper les anomalies de la composition du plasma qui se développe entre les dialyses et à en assurer la correction la plus complète. Le bain de dialyse est donc dépourvu d'urée, de créatinine, d'acide urique, de phosphore et de potassium, tandis qu'il contient une concentration appropriée de sodium, de chlore, de bicarbonates et de glucose de manière à obtenir un transfert dans le sens désirable pour rétablir l'équilibre du plasma (Figure I.5).

A chaque séance, 120 litres d'eau viennent au contact du sang du patient par l'intermédiaire de la membrane de dialyse. La qualité de cette eau doit donc être excellente. Dans chaque centre d'hémodialyse, il existe une salle de traitement de l'eau de ville avec un circuit comprenant des filtres successifs, un dé minéralisateur et un osmoseur qui permet d'obtenir une eau très pure mais cependant non stérile. Le circuit d'eau est régulièrement désinfecté et la qualité de l'eau régulièrement contrôlée. Elle doit répondre à des normes précises (Sebbane et Achouri 2017).



Figure I.5. Dialysat.

I.4.3. Abord vasculaire pour hémodialyse

I.4.3.1. Fistule artérioveineuse

Les veines superficielles n'ont pas un débit suffisant pour permettre l'hémodialyse. Pour cette raison, le chirurgien doit créer, sous anesthésie locale, une fistule artérioveineuse (FAV). Il s'agit de relier une veine à une artère proche, de telle sorte qu'une partie du sang artériel soit détournée dans la veine. Celle-ci va se dilater, sous l'effet de la pression du sang, et assurer un débit sanguin suffisant pour être facilement "piqué". On choisit le plus souvent une veine de l'avant-bras ou du bras. La fistule doit être réalisée suffisamment tôt pour être bien développée au moment de la nécessité d'être dialysé (Bourquelot 2009).la figure suivante montre la fistule artério-veineuse.

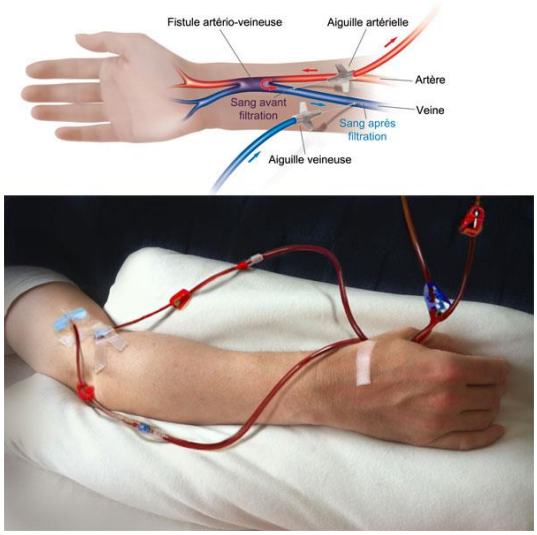


Figure I.6. Fistule artérioveineuse (Bourquelot 2009).

I.4.3.2. Cathéter d'hémodialyse

Lorsqu'il n'existe pas de fistule artérioveineuse utilisable pour réaliser l'hémodialyse, il est possible de poser, sous anesthésie locale, un cathéter (sorte de tuyau en matière plastique souple) dans une grosse veine. Il peut être utilisé immédiatement pour réaliser la dialyse et rester en place de quelques heures à plusieurs semaines selon le type. Il est placé en général dans un gros vaisseau du cou ou de la cuisse (Bourquelot 2009). les deux figures suivantes (I.7 et I.8) representent successivement un cathetere d'hémodialyse et la méthode de l'implantation de ce dernier dans le cou d'un patient.



Figure I.7.Cathéter d'hémodialyse (Bourquelot 2009).

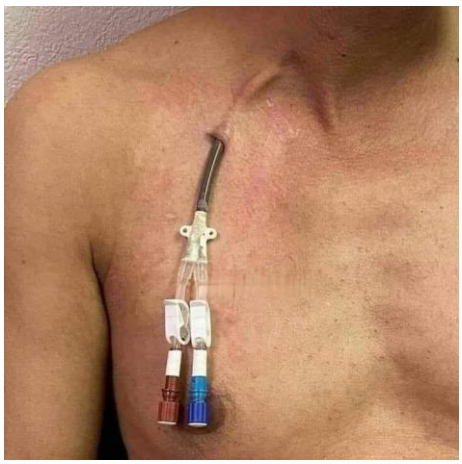


Figure I.8. Implantation d'un cathéter d'hémodialyse dans le cou d'un patient (Bourquelot 2009).

I.5. Séance hémodialyse

La durée de la séance est une prescription médicale. Les séances durent en général 4 à 5 heures et se renouvellent en général 3 fois par semaine. La durée et la fréquence des séances sont adaptées à chaque personne en fonction du poids, de la diurèse résiduelle éventuelle et de la prise de poids entre deux séances. A leur arriver au centre de dialyse, les patients ont accès à un vestiaire pour se changer et entreposer leurs affaires personnelles. Un lavabo leur permet de se laver le bras porteur de la fistule artérioveineuse. Les séances d'hémodialyse se déroulent habituellement de la manière décrite ci-dessous (https://www.chuv.ch/fr/chuv-home) :

I.5.1. Avant la séance

- Tout d'abord, le ou la patient(e) se pèse afin de déterminer sa prise de poids depuis la dernière dialyse. Cela correspond à la quantité de liquide qu'il sera nécessaire de retirer lors de la dialyse à venir grâce à l'ultrafiltration.
- Le ou la patient(e) est installé dans un lit, puis sa pression artérielle est mesurée. L'infirmier de dialyse procède ensuite au branchement en ponctionnant la fistule à l'aide d'aiguilles spécifiques. Celles-ci sont fixées par du scotch de manière à ce qu'elles restent en place pendant toute la séance.
- Dans le cas où le ou la patient(e) porte un cathéter endo-veineux, l'infirmier le branchera directement sur la machine. Le personnel soignant et les patientes portent systématiquement un masque de type "chirurgical", afin d'éviter tout risque d'infection du cathéter. Le pansement du cathéter sera refait après chaque séance (https://www.chuv.ch/fr/chuv-home).

I.5.2. Pendant la séance

- Les tubulures des aiguilles (ou du cathéter) sont directement reliées à celles du circuit extra-corporel, puis la pompe à sang est mise en route et son débit réglé selon la prescription médicale. Un anticoagulant est injecté pour éviter que le sang ne coagule dans le circuit.
- Durant la séance de dialyse, différents paramètres comme le débit sanguin peuvent être modifiés et des alarmes peuvent se déclencher, nécessitant quelques ajustements. La pression artérielle est régulièrement surveillée et des traitements sont administrés (de type Érythropoïétine (EPO), fer, etc.).
- C'est aussi pendant la dialyse qu'ont lieu les visites médicales, durant lesquelles il est possible de demander une ordonnance ou une consultation médicale particulière (https://www.chuv.ch/fr/chuv-home).

I.5.3. Fin de la séance

- A la fin de la dialyse, l'infirmier démarre la restitution. Une solution saline vient chasser le sang du circuit pour le "rendre" au patient, afin qu'il ne perde pas trop de globules rouges. Les tubulures des aiguilles sont ensuite clampées et débranchées du reste du circuit. Les aiguilles sont retirées et les points de ponction doivent être comprimés manuellement pendant quelques

minutes. L'infirmier réalise ensuite un pansement compressif qui sera conservé encore quelques heures afin d'éviter tout saignement.

- Après un dernier contrôle de la pression artérielle, le ou la patient(e) se pèse à nouveau afin de vérifier que le poids sec a bien été atteint (https://www.chuv.ch/fr/chuv-home).

I.6 Statistiques de la maladie rénale chronique en Algérie

L'insuffisance rénale chronique (IRC) est une maladie progressive et silencieuse. Elle nécessite au stade terminal un traitement de suppléance par dialyse ou transplantation rénale. La collecte de données épidémiologiques de l'insuffisance rénale chronique terminale (IRCT) est essentielle. En effet, cela permet d'aider à mieux contrôler et de prévenir cette pathologie, ainsi qu'à organiser le traitement et la prise en charge particulière de cette dernière. L'incidence et la prévalence de cette maladie sont estimées à travers celle de l'IRC traitée par dialyse ou par greffe rénale. Elles sont bien connues dans les pays développés. Toutefois, ces données ne sont pas encore disponibles avec la même pertinence dans les pays en voie de développement du fait du manque d'études épidémiologiques et de registres des insuffisants rénaux chroniques terminaux (Cheurfa et Kaïd Tlilane). L'évolution de la prévalence de l'insuffisance rénal chronique en Algérie millions d'habitant depuis l'année 2015 jusqu'à 2019 est présentée dans le tableau I.1.

Tableau I.1. Evolution de la prévalence de l'insuffisance rénal chronique en Algérie millions d'habitant (Djerroud 2021).

Année	2015	2016	2017	2018	2019
Nombres des IRCT	10277	12464	13402	17122	17361
Prévalence de l'IRCT (pmh)	313.2	367.66	385.11	480.95	488.26

La répartition des insuffisants rénaux chroniques terminaux selon le sexe montrent une prédominance masculine dans tous les pays du monde. L'Algérie n'échappe pas à ce phénomène. En effet, le pourcentage des patients vivants avec le traitement d'hémodialyse est de l'ordre de 52,94% pour les hommes et 47,06% pour les femmes (Djerroud 2021). (Figure I.13)

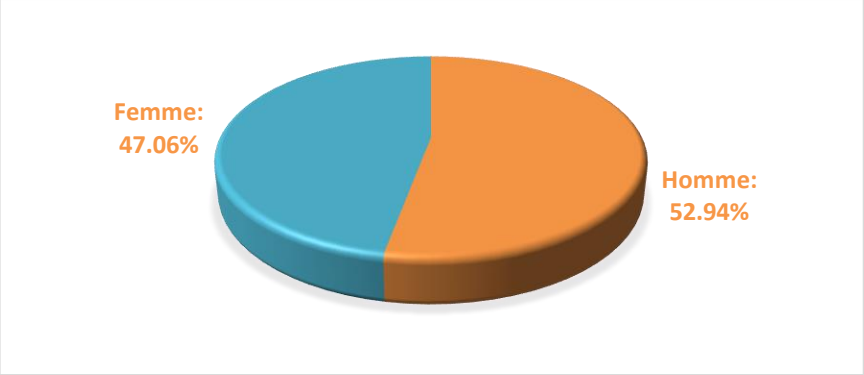


Figure I.9. Répartition des patients dialysés par sexe au 30 juin 2019 (Djerroud 2021).

Parmi les dialysés, 34,82% de ces patients sont âgés de 20 à 44 ans, 31,85% de 45 à 64 ans et 17,78 % de 65 à 74 ans. Il convient toutefois de remarquer que le pourcentage des dialysés de moins de 19 ans est seulement de 1,48% et que celui de ceux qui ont 75 ans et plus est de14,07%. (Djerroud 2021). La répartition des patients dialysés selon l'âge en 2019 est mentionnée dans le tableau I.2.

Tableau I.2. Répartition des patients dialysés selon l'âge en 2019 (Djerroud 2021).

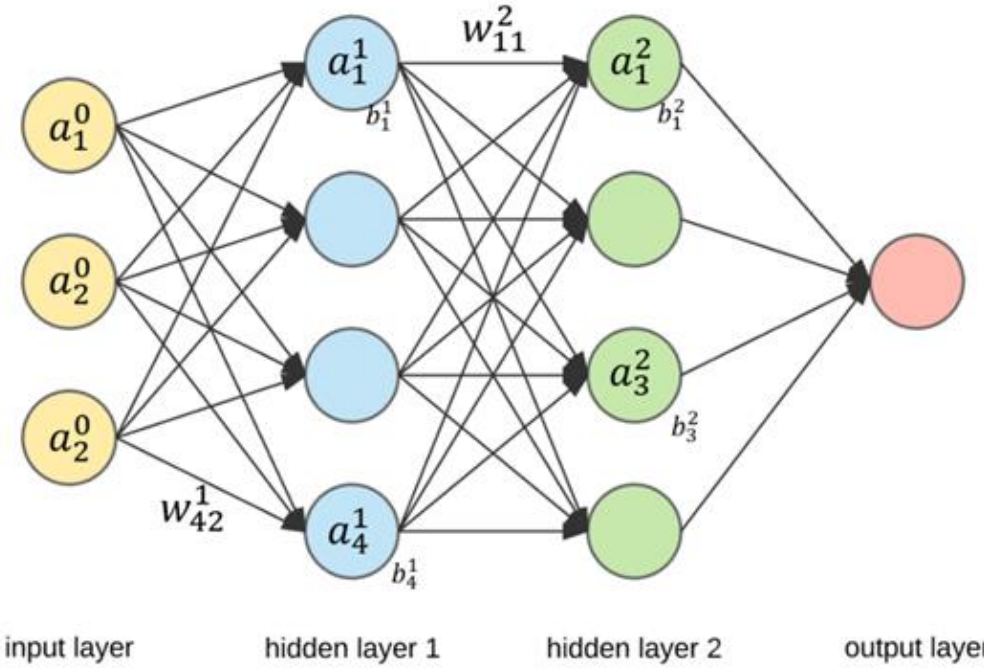
Tranches d'âge	0-19 ans	20-44 ans	45-64 ans	65-74 ans	75 ans et plus
Fréquence	1.48%	34.82%	31.85%	17.78%	14.07%

I.7. Conclusion

Dans ce chapitre, nous avons présenté les généralités des reins naturels, l'insuffisance rénale chronique (IRC) et aigué (IRA). Ensuite nous avons décrit la dialyse péritonéale et hémodialyse, les matériels utilisés, les compositions du dialysat et les fistules artérioveineuses et les cathéters d'hémodialyses, les statistiques de la maladie rénale chronique en Algérie. Nous avons terminé ce chapitre par le déroulement des séances avant, pendant et après de l'hémodialyse.

Chapitre II

Réseaux de nuerons artificiels



II.1. Introduction

Les réseaux de neurones connaissent depuis quelques années un succès croissant dans divers domaines des sciences de l'ingénieur, celui du génie des procédés n'échappe pas à cette règle.

Dans un premier temps, nous rappelons les définitions et notations de bases relatives aux réseaux de neurones. Nous poursuivons en exposant les types et la méthodologie d'apprentissage. Nous présentons aussi, d'une manière générale, les étapes de conception d'un réseau de neurones : le choix des entrées et des sorties, l'élaboration de la base de données et de la structure du réseau…etc.

II.2. Historique

Les premiers à proposer un modèle sont deux américains de Chicago, le neurophysiologiste Warren McCullers et le logicien Walter Pitt, qui inventent en1943 le premier neurone formel qui portera leurs noms (neurone de McCullers- Pitt). Quelques années plus tard en 1949, Heb propose une formulation du mécanisme d'apprentissage, sous la forme d'une règle de modification des connexions synaptiques. Cette règle repose sur le fait que si deux neurones sont connectés entre eux et activées au même temps, les connexions qui les relient doivent être renforcées, dans le cas contraire, elles ne sont pas modifiées. Le premier réseau de neurones artificiels apparaît en 1958, grâce aux travaux de Frank Rosenblatt qui conçoit le fameux perceptron. Le perceptron possède une couche de neurones d'entrée, ainsi qu'une couche de sortie. Ce réseau parvient à apprendre à identifier des formes simples et à calculer certaines fonctions logiques, à la fin des années 60 (1969) Rosenblatt à reçut une critique violente par Marvin Minsky et Seymour Papert, qui publient un livre dans lequel ils décrivent une série de problèmes de reconnaissance des forme qu'un perceptron ne peut pas résoudre, problème dit d'un apprentissage difficile. Les travaux sur la technologie des réseaux neuronaux sont alors quasiment interrompus, il faudra alors attendre le début des années 80 (1982) pour que Hopfield démontre l'intérêt d'utiliser des réseaux récurrents ('feed-back').

En parallèle des travaux de Hopfield, Werbos conçoit son algorithme de rétropropagation de l'erreur, qui offre un mécanisme d'apprentissage pour les réseaux multicouches de type perceptron (MLP), fournissant ainsi un moyen d'entraîner les neurones des couches cachées. Cet algorithme de 'back- propagation' ne sera pourtant popularisé qu'en 1986 par Rumelhart (Laidi 2009).

II.3. Réseaux de neurones artificiels (RNA)

II.3.1. Neurone biologique

L'idée de réseaux de neurones artificiels a été inspirée de la manière par laquelle les neurones biologiques traitent les informations. Le cerveau humain est composé de cellules distinctes appelées neurones formant un ensemble dense d'environ 10 à 100 milliards d'unités interconnectées. Tel qu'il est illustré sur la figure II.1, le neurone est une cellule composée d'un corps cellulaire et d'un noyau. Le corps cellulaire se ramifie pour former les dendrites. C'est par les dendrites que l'information est acheminée de l'extérieur vers le soma (corps du neurone).

L'information est traitée alors par le corps cellulaire. Si le potentiel d'action dépasse un certain seuil, le corps cellulaire répond par un stimulus. Le signal transmis par le neurone est cheminé ensuite le long de l'axone (unique) pour être transmis aux autres neurones. La transmission entre deux neurones n'est pas directe. En fait, il existe un espace intercellulaire de quelques dizaines d'Angströms entre l'axone du neurone afférent et les dendrites du neurone efférent. La jonction entre deux neurones s'appelle synapse (Ammi 2016).

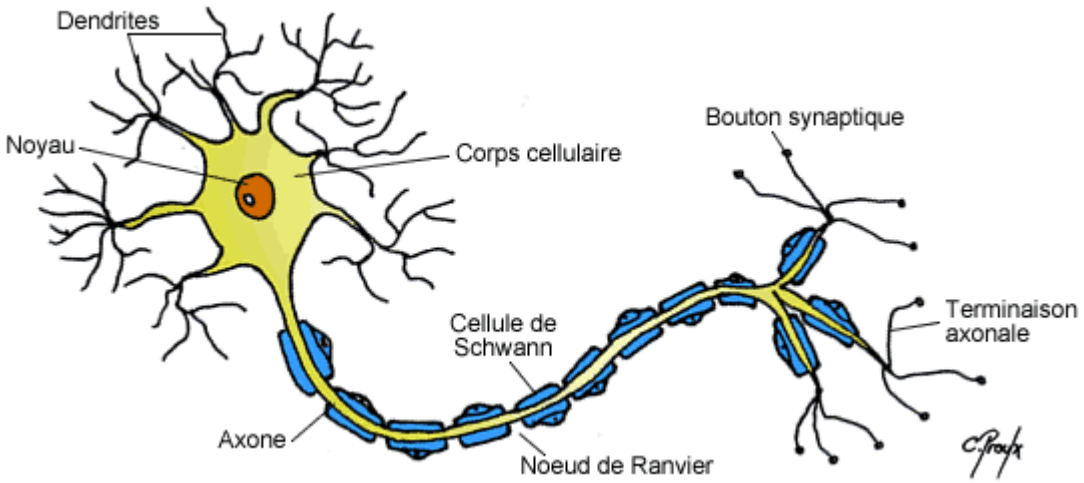


Figure II.1. Neurone biologique (ap-ide.blogspot.com/2014/10/physiologie-de-linflux-nerveux.html).

II.3.2. Neurone formel

Le neurone formel est l'élément essentiel d'un réseau de neurones. C'est un opérateur mathématique très simple, dont on peut facilement calculer la valeur numérique. Son fonctionnement est schématisé sur la figure II.2.

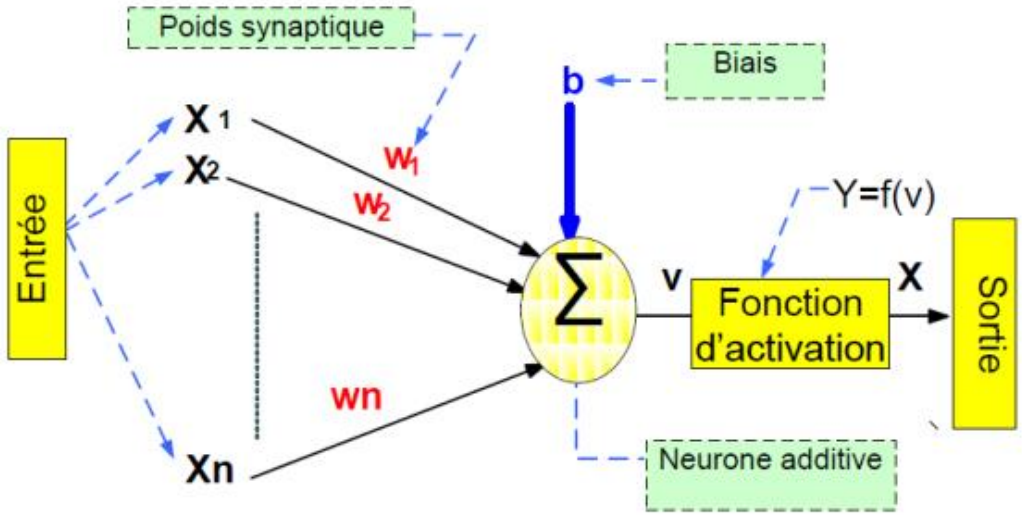


Figure II.2. Neurone formel (Rouabah 2021).

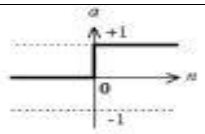
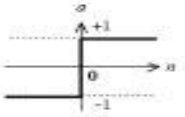
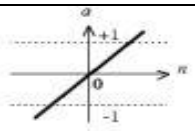
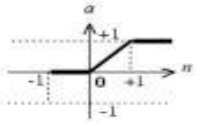
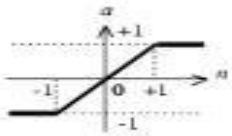
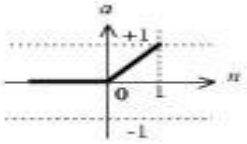
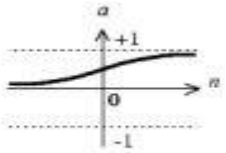
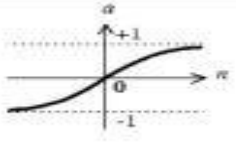
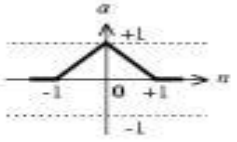
Un neurone formel est une fonction algébrique paramétrée, non linéaire en ses paramètres. Ses entrées peuvent être les sorties d'autres neurones ou des entrées de signaux extérieurs. Sa sortie est une fonction non linéaire *f* d'une combinaison linéaire *v* des entrées (x_i). Le potentiel *v* le plus fréquemment utilisé est la somme pondérée des entréesx_i pondérées par les coefficients (w_i) également appelés poids de connexions :

$$v = w_0 + \sum_{i=1}^{n} (w_i x_i) \qquad \text{(II. 1)}$$

Précisons que le poids $w_0$est affecté à une entrée constante appelée "biais". Une fonction *f*, appelée fonction d'activation, est appliquée à ce potentiel *v*. Le choix d'une fonction d'activation se révèle dans certains cas être un élément constitutif important des réseaux de neurones. Les fonctions mathématiques les plus souvent utilisées dans notre travail sont regroupées dans le tableau II.1. À la différence des neurones biologiques dont l'état est binaire, la plupart des fonctions de transfert sont continués, offrant une infinité de valeurs possibles comprises dans l'intervalle [0, +1] ou [-1, +1]. Un neurone formel, réalise donc l'opération suivante (Ammi 2016) :

$$y = f(v) = f\left(w_0 + \sum_{i=1}^{n} (w_i x_i)\right) \qquad \text{(II. 2)}$$

Tableau II.1. Fonctions de transfert usuelles, a=f(n) (Khaouane 2013).

Nom de la fonction	**Relation entrée / sortie**	**Graphe de la fonction**	**Fonction MATLAB® correspondante**
Seuil	a = 0 si n < 0 a =1 si n ≥ 0		hardlim
Seuil symétrique	a = −1 si n < 0 a =1 si n ≥ 0		hardlims
Linéaire	a = n		purelin
Linéaire saturée	a = 0 si n < 0 a = n si 0 ≤ n ≤1 a =1 si n > 1		satlin
Linéaire saturée symétrique	a = −1 si n < −1 a = n si −1≤ n ≤1 a =1 si n >1		Satlins
Linéaire positive	a = 0 si n < 0 a = n si n ≥ 0		Poslin
Logistique (Sigmoïde logarithmique)	$a = \frac{1}{1+e^{-n}}$		Logsig
Tangente hyperbolique	$a = \frac{e^{+n}-e^{-n}}{e^{+n}+e^{-n}}$		tansig=
Triangulaire de base	a = 1-|n| , -1≤ n ≤ +1 a=0 , autrement		Tribas

II.3.3. Correspondance neurone biologique/formel

On peut résumer la modélisation du neurone formel à partir du neurone biologique à l'aide du tableau II.2 (Rouabah 2021).

Tableau II.2. Correspondance neurone biologique/formel.

Neurone biologique	**Neurone formel**
Axones	Signal de sortie
Dendrites	Signal d'entrée
Synapse	Poids de connexion

II.3.4. Architecture d'un réseau de neurones

Un RNA est formé d'un ensemble de neurones formels interconnectés. Deux grands types d'architectures peuvent être distingués (Ammi 2016) :

- **Les réseaux de neurones non bouclés :** Ils réalisent une (ou plusieurs) fonction(s) algébrique(s) des entrées, par composition des fonctions réalisées par chaque neurone. Les réseaux de neurones non bouclés sont des outils statiques utilisés principalement pour effectuer des tâches d'approximation de fonctions non linéaires, de modélisation de processus statiques non linéaires (Figure II.3).

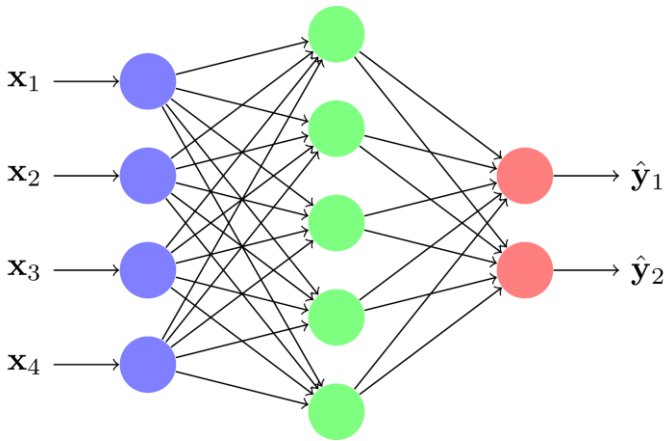


Figure II.3. Structure d'un réseau de neurones non bouclé.
(https://commons.wikimedia.org/wiki/File:Neural_network.svg).

- **Les réseaux de neurones bouclés :** Ils constituent quant à eux un système dynamique "à temps discret", régi par une (ou plusieurs) équation(s) aux différences non linéaires, résultant de la composition des fonctions réalisées par chacun des neurones et des retards associés à chacune

des connexions. Ils sont utilisés pour effectuer des tâches de modélisation et d'adaptation de systèmes dynamiques, de commande de processus ou de filtrage.

Un réseau de neurones bouclé est schématisé par un graphe de connexions qui est cyclique. Lorsqu'on se déplace dans le réseau en suivant le sens des connexions, il est possible de trouver au moins un chemin qui revient à son point de départ (un tel chemin est désigné sous le terme de "cycle"). Ainsi, un retard entier multiple de l'unité de temps choisie est attaché à chaque connexion d'un réseau de neurones bouclé (ou à chaque arrête de son graphe). Une grandeur à un instant donné ne peut pas être fonction de sa propre valeur au même instant. Tout cycle du graphe du réseau doit avoir un retard non nul (Khaouane 2013).

La figure II.4 représente un exemple de réseau de neurones bouclé. Les chiffres dans les carrés indiquent le retard attaché à chaque connexion, exprimé en multiple de l'unité de temps. Ce réseau contient un cycle, qui part du neurone 3 et revient à celui-ci en passant par le neurone 4. La connexion de 4 vers 3 ayant un retard d'une unité de temps.

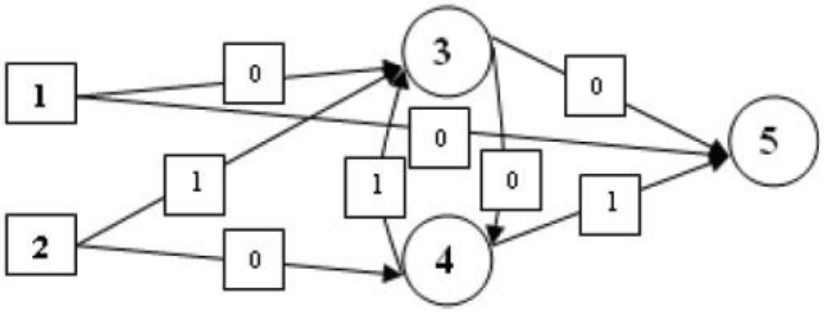


Figure II.4. Structure d'un réseau de neurones bouclé (récurent) (Khaouane 2013).

II.3.5. Apprentissage des réseaux de neurones

On appelle apprentissage, l'opération par laquelle le réseau de neurones acquiert la capacité de réaliser certaines tâches en modifiant les paramètres internes (poids synaptique), cette modification se fait en utilisant un algorithme d'adaptation paramétrique appelé "algorithme d'apprentissage".

L'apprentissage consiste alors à améliorer les performances futures du réseau en se basant sur les expériences acquises. Plusieurs modes d'apprentissage peuvent être distinguées, ceux-ci se différencient principalement par le type d'exemples disponible pour un RNA, l'apprentissage peut être considéré comme le problème de la mise à jour des poids des connexions au sein du réseau, afin de réussir la tâche qui lui est demandée. L'apprentissage est la caractéristique principale des RNA et il peut se faire de différentes manières et selon différentes règles.

L'objectif des algorithmes d'apprentissages est de minimiser l'erreur de décision effectuée par le RNA en ajustant les poids à chaque présentation d'un vecteur d'entraînement (Laidi 2009). Les algorithmes d'apprentissages peuvent se répartir en trois classes :

- Apprentissage non supervisé.
- Apprentissage forcé ou imposé.
- Apprentissage supervisé.

II.3.5.1. Apprentissage non supervisé

Cet entraînement se fait sur la base d'informations locales existant à l'entrée. Il représente la capacité des réseaux de neurones à apprendre sana connaître la sortie désirée. Dans ce cas, le réseau organise lui-même les entrées qui lui sont présentées de façon à minimiser un critère de performance donné. Les informations d'entrée sont présentées au réseau et des catégories internes sont formées par une auto organisation du réseau. Cet apprentissage est dit aussi compétitif du moment où il y a une compétition entre les unités du réseau à représenter le vecteur d'entrée. La figure suivante montre l'apprentissage non supervise.

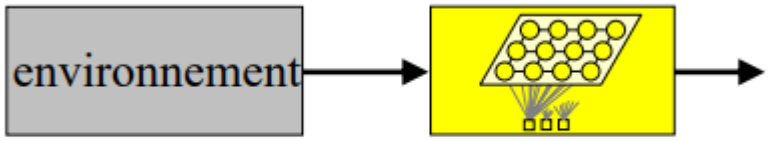


Figure II.5. Principe d'apprentissage non supervisé (https://gisnt.org/pdf/R%C3%A9seau%20neuronaux%20artifitiels.pdf).

.

II.3.5.2. Apprentissage supervisé

L'apprentissage supervisé (Figure II.6) correspond au cas où l'on dispose d'exemples d'entrées et de sorties simultanément (c'est-à-dire les entrées et les sorties désirées correspondantes). On cherche alors à construire un modèle capable de prédire et donner la valeur de la sortie désirée connaissant celle de l'entrée et fournit un signal d'erreur quand une erreur est établie ; en minimisant celle-ci, on a un outil d'optimisation des paramètres internes du réseau qui sont les poids synaptiques. Cette procédure est répétée jusqu'à qu'un critère de performance soit satisfait.

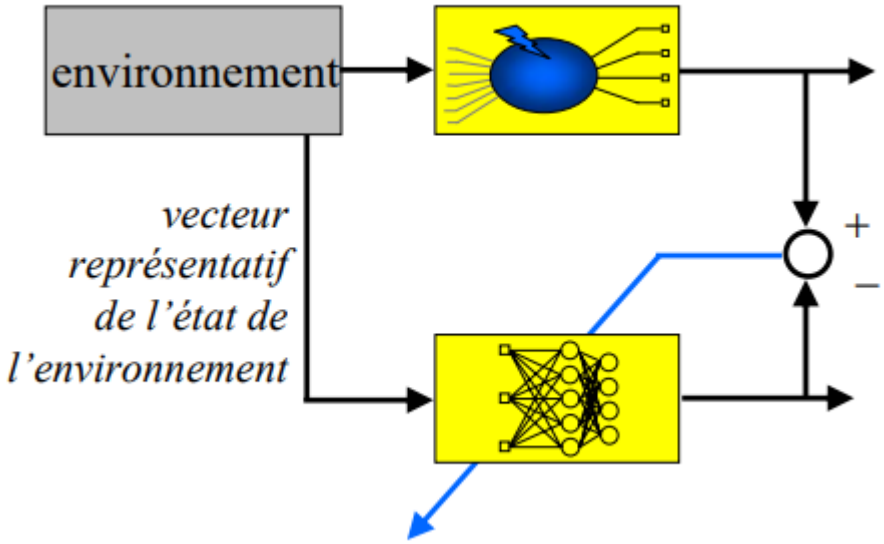


Figure II.6. Principe d'apprentissage supervisé
(https://gisnt.org/pdf/R%C3%A9seau%20neuronaux%20artifitiels.pdf).

II.3.5.3. Apprentissage force ou impose

Dans cet apprentissage on indique seulement au réseau si la sortie est bonne ou mauvaise en induisant ainsi une variation sélective des poids de connexions (Laidi 2009).

II.4. Réseaux de neurones les plus utilises

Un RNA est formé d'un ensemble de neurones formels interconnectés. Deux grands types d'architectures peuvent être distingués (Figure II.7) :

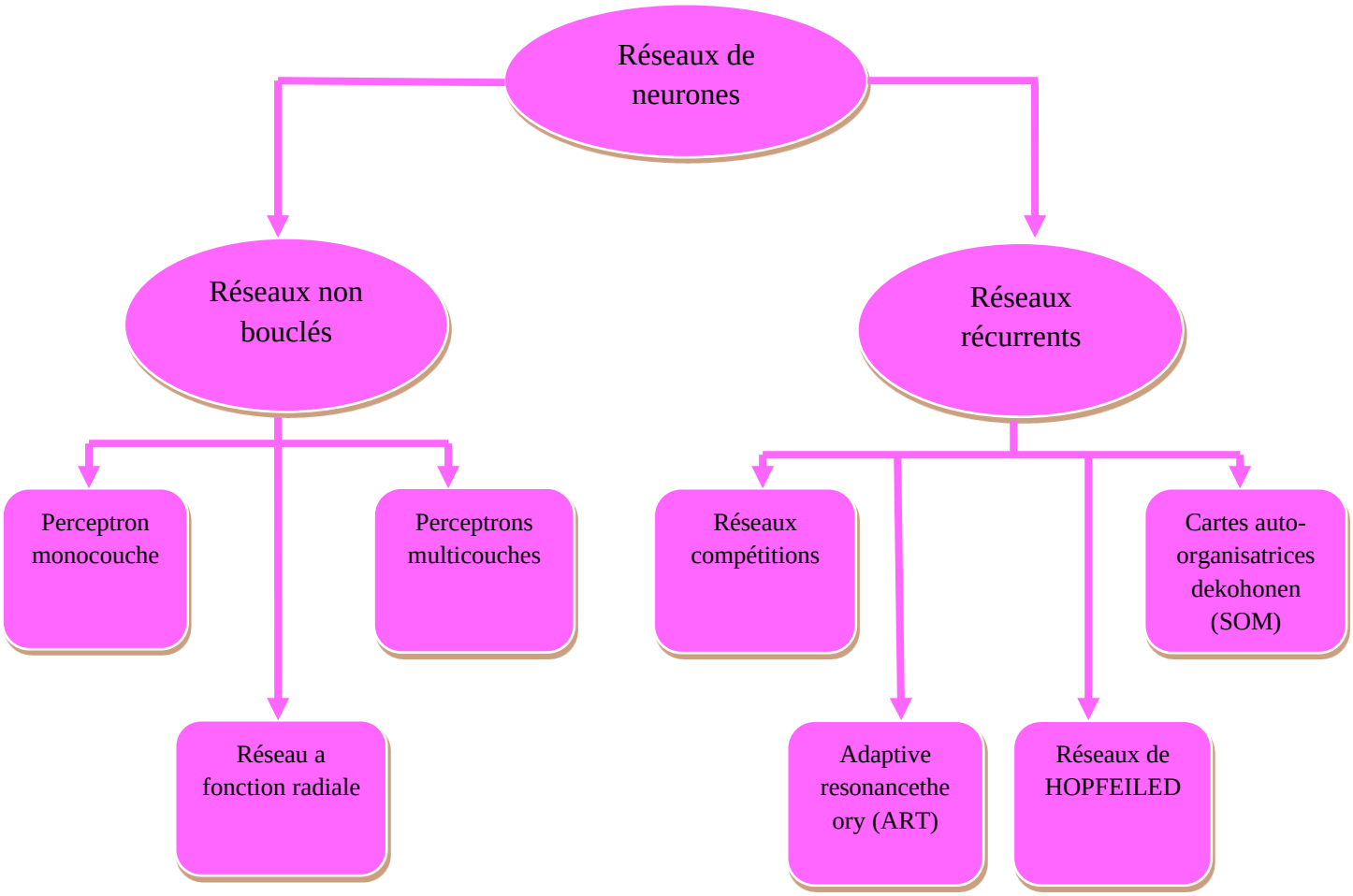


Figure II.7. Réseaux de neurones les plus utilisés.

II.4.1. Perceptron monocouche (perceptron simple)

Le perceptron est le premier modèle des réseaux de neurones inventés en 1957 par Frank Rosenblatt (Rosenblatt 1958). C'est un réseau simple, puisqu'il ne se compose que d'une couche d'entrée et d'une couche de sortie. Il peut aussi être utilisé pour faire de la classification et pour résoudre des opérations logiques simples, il suit généralement un apprentissage supervisé (Talbi 2011).

II.4.2. Perceptron multicouche (en anglais multi layer perceptron)

Le PMC est un réseau de neurones non bouclé caractérisé par une structure bien particulière. La figure II.3 illustre la structure de ce type de réseau. Ces neurones sont organisés en couches successives où les informations circulent dans un seul sens, de la couche d'entrée vers la couche de sortie. Les neurones d'une même couche ne sont pas interconnectés. Un neurone ne peut envoyer son résultat qu'à un neurone situé dans une couche postérieure à la sienne. Le réseau est formé de plusieurs couches, qui s'appellent, par convention :

- **Couche d'entrée :** cette couche représente toujours une couche associée aux entrées du système, composée des cellules d'entrée qui correspondent aux k variables d'entrée.
- **Couche(s) cachée(s) :** chaque couche est composée de p neurones. Ces neurones n'ont aucun lien avec l'extérieur et sont appelés neurones cachés.
- **Couche de sortie :** elle est constituée par la valeur de sortie de la combinaison linéaire des fonctions de transferts de la couche cachée.

Les neurones sont reliés entre eux par des connexions pondérées. Ce sont les poids de ces connexions qui gouvernent le fonctionnement du réseau et programment une application de l'espace des entrées vers l'espace des sorties, à l'aide de la transformation non linéaire (Ammi 2016).
Dans notre étude, nous avons adopté le modèle le plus couramment utilisé, le Perceptron Multi-couches (PMC), illustré par la figure II.4 et dont les principes sont exposés dans ce qui suit.

II.4.3. Réseaux à fonction radiale

Les réseaux à fonction de bases radiales (RFR) ou plus simplement réseaux à bases radiales ont été proposés par Moody et Darren (Moody et Darren 1989). Les RFR seront donc employés dans les mêmes types de problèmes que les perceptrons multicouches à savoir, en classification et en approximation de fonctions, particulièrement. L'apprentissage le plus utilisé pour les RFR est le mode hybride (Talbi 2011).

II.4.4. Cartes auto-organisatrices de KOHONEN (SOM)

Les cartes topologiques ou cartes auto organisatrices ont été introduites pour la première fois par Kohonen en 1982 (Kohonen 1982). Ce sont des réseaux à apprentissage non-supervisé qui établissent une carte discrète, ordonnée topo-logiquement, en fonction de patterns d'entrée. Le réseau forme ainsi une sorte de treillis dont chaque nœud est un neurone associé à un vecteur de poids. La correspondance entre chaque vecteur de poids est calculée pour chaque entrée. Par la suite, le vecteur de poids ayant la meilleure corrélation, ainsi que certains de ses voisins, vont être modifiés afin d'augmenter encore cette corrélation (Talbi 2011).

II.4.5. Réseaux de HOP FIELD

Les réseaux de Hop Field (Hop Field 1982) sont des réseaux récurrents et entièrement connectés. Dans ce type de réseau, chaque neurone est connecté à chaque autre neurone et il n'y a aucune différence entre les neurones d'entrée et de sortie. Ils fonctionnent comme une mémoire associative non-linéaire et sont capables de trouver un objet stocké en fonction de représentations partielles ou bruitées. L'application principale des réseaux de Hop Field est l'entrepôt de

connaissances, mais aussi la résolution de problèmes d'optimisation. Le mode d'apprentissage utilisé ici est le mode non-supervisé (Talbi 2011).

II.4.6. Réseaux ART

Les réseaux ART (en anglais Adaptive Résonance Theory) sont des réseaux à apprentissage par compétition (Carpenter et Gross berg 1987; Carpenter et Gross berg 1988). Dans ce genre de réseau, les vecteurs de poids ne seront adaptés que si l'entrée fournie est suffisamment proche d'un prototype déjà connu par le réseau. Il est à noter qu'il existe deux principaux types de réseaux ART : les ART-1 pour des entrées binaires et les ART-2 pour des entrées continues. Le mode d'apprentissage des ART peut être supervisé ou non (Talbi 2011).

II.5. Conception d'un modèle neuronal

Les réseaux de neurones réalisent des fonctions non linéaires paramétrées. Leurs mises en œuvre nécessitent :

- La détermination des entrées et des sorties pertinentes, c'est-à-dire les grandeurs qui ont une influence significative sur le phénomène que l'on cherche à modéliser ;
- La construction de la base de données et le choix des échantillons ;
- La détermination du nombre de neurones cachés nécessaires pour obtenir une approximation satisfaisante ;
- La réalisation de l'apprentissage ;
- L'évaluation des performances du réseau de neurones à l'issue de l'apprentissage (Khaouane 2013).

II.5.1. Détermination des entrées/sorties du réseau de neurones

Pour toute conception de modèle, la sélection des entrées doit prendre en compte deux points essentiels :

- Premièrement, la dimension intrinsèque du vecteur des entrées doit être aussi petite que possible, en d'autres termes, la représentation des entrées doit être la plus compacte possible, tout en conservant pour l'essentiel la même quantité d'information et en gardant à l'esprit que les différentes entrées doivent être indépendantes.
- En second lieu, toutes les informations présentées dans les entrées doivent être pertinentes pour la grandeur que l'on cherche à modéliser : elles doivent donc avoir une influence réelle sur la valeur de la sortie (Khaouane 2013).

II.5.2. Construction de la base de données et choix des échantillons

Le processus d'élaboration d'un réseau de neurones commence par la construction d'une base de données et le choix des échantillons. Il faut donc déterminer les grandeurs qui ont une influence significative sur le phénomène que l'on cherche à modéliser.

Cette étape est cruciale et aide à déterminer le type de réseau le plus approprié pour résoudre un problème donné. En particulier, la façon dont se présente l'échantillon conditionne le type de réseau, le nombre de cellules d'entrée et de sortie et la façon dont il faudra mener l'apprentissage, le test et la validation (Bishop 1995).

Afin de développer une application à base de réseaux de neurones, il est nécessaire de disposer de deux bases de données, une pour effectuer l'apprentissage et l'autre pour tester le réseau obtenu et déterminer ses performances.

Pour mieux contrôler la phase d'apprentissage, il est souvent préférable de posséder une troisième base de données appelée "base de validation croisée" (Stone 1977). Les avantages liés à l'utilisation de cette troisième base de données seront exposés dans les paragraphes suivants. Notons qu'il n'y pas de règle pour déterminer ce partage d'une manière quantitative, néanmoins chaque base doit satisfaire aux contraintes de représentativité de chaque classe de données et doit généralement refléter la distribution réelle, c'est-à-dire la probabilité d'occurrence des diverses classes

Généralement, les bases de données subissent un prétraitement qui consiste à effectuer une normalisation appropriée tenant compte de l'amplitude des valeurs acceptées par le réseau. Les valeurs d'entrées et de sortie sont normalisées dans un intervalle spécifique afin de donner à chaque paramètre la même influence statistique. De plus, un problème additionnel peut survenir à cause d'une possible saturation de la sortie, si la somme pondérée des entrées du perceptron multicouche($\sum(w_i x_i)$) est dans la partie asymptotique de la fonction d'activation (Khaouane 2013).

II.5.3. Définition de la structure du réseau

La détermination de l'architecture optimale est restée pendant longtemps un problème ouvert. Il existe actuellement diverses méthodes empiriques mettant notamment en jeu des tests statistiques pour une vaste classe de réseaux.

Comme nous l'avons mentionné, nous avons retenu le perceptron multicouche comme base du modèle. Nous structurons ce réseau en précisant le nombre de couches et de neurones cachés pour que le réseau soit en mesure de reproduire ce qui est déterministe dans les données.

II.5.3.1. Nombre de couches cachées

Mis à part les couches d'entrée et de sortie, il faut décider du nombre de couches intermédiaires ou cachées. Sans couche cachée, le réseau n'offre que de faibles possibilités d'adaptation. Néanmoins, il a été démontré qu'un perceptron multicouche avec une seule couche cachée pourvue d'un nombre suffisant de neurones, peut approximer n'importe quelle fonction avec la précision souhaitée

II.5.3.2. Nombre de neurones caches

Chaque neurone peut prendre en compte des profils spécifiques de neurones d'entrée. Un nombre plus important permet donc de mieux "coller" aux données présentées, mais diminue la capacité de généralisation du réseau. Il faut alors trouver le nombre adéquat de neurones cachés nécessaire pour obtenir une approximation satisfaisante. Le nombre de neurones cachés dépend du type de données dont on dispose. En général, ce nombre est déterminé par des règles empiriques. Suivant les auteurs, la taille de la couche cachée doit être (Dames 2005) :

- Soit égale à celle de la couche d'entrée ;
- Soit égale à 75 % de celle-ci
- Soit égale à la racine carrée du produit du nombre de neurones dans la couche d'entrée et de sortie.

Pour des cas plus sophistiqués, la recherche consisterait soit à :

- Estimer un réseau comportant de nombreux neurones puis à le simplifier par l'analyse des multi-Colinéarités ou par une règle d'apprentissage éliminant les neurones inutiles (Dames 2005) ;
- Définir une architecture tenant compte de la structure des variables identifiées au préalable par une analyse en composantes principales ;
- Augmenter progressivement la complexité du modèle à chaque itération, dite "Cascadant", et réévaluer l'efficacité de généralisation à chaque addition d'un nouveau neurone (Khaouane 2013).

II.5.4. Apprentissage

Une fois l'architecture choisie, elle doit subir une phase d'apprentissage. Cette dernière consiste à calculer les coefficients synaptiques de telle manière que les sorties du réseau de neurones soient, pour les exemples utilisés lors de l'apprentissage, aussi proches que possibles des sorties "désirées". Celles-ci correspondent à la valeur de la fonction que l'on veut approcher ou à la sortie du processus que l'on veut modéliser.

L'apprentissage correspond donc à la phase du développement du réseau durant laquelle les coefficients synaptiques sont modifiés jusqu'à l'obtention du comportement désiré.

Dans notre étude, comme nous disposons des valeurs de sortie, nous avons choisi l'apprentissage supervisé, mettant en jeu un algorithme d'optimisation. Ce dernier cherche à minimiser, par des méthodes d'optimisation non linéaire, une fonction de coût qui constitue une mesure de l'écart entre les réponses réelles du réseau et ses réponses désirées.

Cette optimisation se fait de manière itérative, en modifiant les poids en fonction du gradient de la fonction de coût : le gradient est estimé par une méthode spécifique, dite la règle du gradient de l'erreur (en anglais delta Rule). C'est une des règles les plus utilisées pour l'apprentissage supervisé de réseaux de neurones. Initialement développée pour résoudre des problèmes de traitements adaptatifs du signal, elle a conduit ensuite à un algorithme connu sous le nom de l'algorithme de rétropropagation du gradient de l'erreur (en anglais Back-propagation). On distingue deux étapes dans la phase d'apprentissage :

- **Une phase de propagation**, qui consiste à présenter une configuration d'entrée au réseau, puis à la propager à celle de sortie en passant par les couches cachées.
- **Une phase de rétropropagation**, qui consiste, après le processus de propagation, à minimiser l'erreur commise sur l'ensemble des exemples présentés, erreur considérée comme une fonction des poids synaptiques. Cette erreur représente la somme des différences au carré entre les réponses calculées et celles désirées pour tous les exemples contenus dans l'ensemble de l'apprentissage.

Les algorithmes de rétropropagation implantés actuellement dans les logiciels de RNA appartiennent à une des cinq classes suivantes (Khaouane 2013):

- Descente du gradient ;
- Descente des gradients conjugués ;
- Quasi-Newton ;
- Levenberg-Marquardt ;
- Régularisation

Le tableau I.3 résume les algorithmes d'apprentissage par rétropropagation implanté dans la boite à outils des RN du programme MATLAB®(Demuth et Beadle 2000).

Tableau II.3. Résumé des caractéristiques des algorithmes d'apprentissage de rétropropagation implantés dans MATLAB® (Demuth et Beadle 2000).

Algorithme	Caractéristiques
Descente du gradient	
Descente du gradient simple (**tradingd**)	Descente du gradient de base. Réponse lente ; peut être utilisée pour apprentissage en mode séquentiel
Descente du gradient avec moment (**traingisme**)	Descente du gradient avec moment. Le moment permet à un réseau de répondre non seulement au gradient local, mais aussi aux tendances récentes dans la surface d'erreur. Sans moment un réseau peut être coincé dans un minimum local peu profond. Plus rapide que traingd, ne peut être utilisée que pour apprentissage en mode séquentiel
Descente du gradient avec taux d'apprentissage variable (**traingda**)	Taux d'apprentissage variable. Plus rapide que traingd, mais ne peut être utilisée que pour apprentissage en mode batch. Utilise des règles heuristiques pour la variation du taux d'apprentissage
Descente du gradient avec moment et taux d'apprentissage variable (**traingdx**)	Descente du gradient avec inertie (momentum) et taux d'apprentissage variable
Descente des gradients conjugués	
Descente des gradients conjugués avec la méthode de mise à jour de Fletcher-Reeves (**traincgf**)	Il possède la plus petite mémoire de stockage parmi les algorithmes de gradient conjugués.
Descente des gradients conjugués avec la méthode de mise à jour de Polak-Ribiére (**traincgp)**	Nécessite une mémoire de stockage légèrement plus grande que traincgf. Convergence plus rapide sur quelques problèmes
Descente des gradients conjugués avec la méthode de reprises Powell-Beale (**traincgb**)	Nécessite une mémoire de stockage légèrement plus grande que traincgp. Convergence Généralement plus rapide.
Scaled conjugate gradient (**trainscg**)	Le seul algorithme de gradients conjugués qui n'exige aucune recherche de ligne. Très bon algorithme d'apprentissage en général
Quasi-Newton	
BFGS quasi-Newton (**trainbfg**)	Il exige le stockage d'une approximation de la matrice Hessiènne et nécessite plus de calcul à chaque itération que les algorithmes de gradients conjugués, mais possède habituellement une convergence plus rapide.
Sécante à un pas (**trainoss**)	Cet algorithme exige moins de stockage et calcul par époque que l'algorithme BFGS. On peut considérer cela un compromis entre des algorithmes de quasi-Newton complets et des algorithmes de gradients conjugués.

Levenberg-Marquard	
Levenberg-Marquardt (**trainlm**)	C'est l'algorithme d'apprentissage le plus rapide pour les réseaux de taille modérée. Il a la caractéristique de réduction de mémoire pour l'utilisation quand l'échantillon d'apprentissage est grand.
Régularisation	
Régularisation Bayésienne (**trainbr**)	Mise à jour des poids et des biais selon l'optimisation de Levenberg-Marquardt. Il réduit au minimum une combinaison d'erreurs quadratiques et des poids et détermine ensuite la combinaison correcte afin de produire un réseau avec une capacité de généralisation meilleure. Ce processus est appelé la régularisation bayésienne. Il réduit la difficulté de déterminer l'architecture de réseau optimum.

II.5.5. Evaluation des performances du réseau de neurones

Enfin, la dernière étape doit permettre d'estimer la qualité du réseau obtenu en lui présentant des exemples qui ne font pas partie de l'ensemble d'apprentissage. Elle permet à la fois d'apprécier les performances du système neuronal et de détecter le type de données qui posent problème. Si les performances ne sont pas satisfaisantes, il faudra, soit modifié l'architecture du réseau, soit modifié la base d'apprentissage (Khaouane 2013).

II.5.6. Limites

Les RNA possèdent quelques limites à savoir :

- Les RNA restent encore, en partie, une boite noire car ils ne permettent pas d'expliquer les relations pertinentes entre les variables. De ce point de vue, le système n'a donc qu'un pouvoir explicatif médiocre et n'est pas capable de retracer le cheminement suivi pour atteindre le résultat.
- Les modèles les plus simples sont souvent les meilleurs et les moins coûteux en temps de calcul, donc les RNA pourraient être utiles lorsque les modèles simples produisent des résultats insatisfaisants ce qui est généralement le cas des modèles économiques.
- Les RNA sont utilisés comme des outils de modélisation par apprentissage, qui permettent d'ajuster des fonctions non linéaires très générales à des ensembles de points ; comme toute méthode qui s'appuie sur des techniques statistiques, l'utilisation des RNA nécessite que l'on dispose de données suffisamment représentatives.

Ces limites ne constituent pas pour autant un grand handicap pour les RNA dont les applications en différentes procédés continuent de faire surface (Azizi 2011).

II.6. Conclusion

Tout au long de ce chapitre, nous avons donné un maximum d'informations sur les réseaux de neurones d'une façon générale tout en mettant l'accent sur les réseaux de neurones de type feedforward, vraisemblablement les plus utilisés dans les modélisations statiques du fait qu'ils sont doués de la propriété d'approximation universelle.

Nous avons présenté un algorithme d'apprentissage très utilisé dans la communauté connexionniste : l'algorithme de rétro propagation du gradient. Plusieurs travaux lui ont été consacrés et un certain nombre de modifications ont été proposées pour accélérer le temps d'apprentissage, réduire les besoins en mémoire de stockage et améliorer la capacité de généralisation ainsi que les performances du réseau obtenu. Un résumé des caractéristiques des algorithmes d'apprentissage de rétro propagation implantée dans MATLAB® a été présenté.

Chapitre III

Modélisation de l’hémodialyse



III.1 Introduction

Les réseaux de neurones artificiels (RN) ont acquis une grande popularité dans la dernière décennie en raison de leur parallélisme élevé, de leur robustesse de leur capacité inhérente à extraire à partir des données expérimentales, les relations fortement non-linéaires et complexes entre les variables du problème sans aucune connaissance détaillée du système (Ammi 2016).

Ce chapitre porte sur la modélisation de l'hémodialyse, il est divisé en six parties distinctes : la première partie présente la collecte des données, prétraitement et analyse, la deuxième partie sera consacrée au développement des modèles neuronaux, nous discuterons les performances des modèles neuronaux dans la troisième partie, les expressions mathématiques de modèle neuronal optimal seront abordées dans la quatrième partie, nous traiterons dans la cinquième partie l'analyse de sensibilité par la méthode de poids et dans la dernière partie nous discuterons le diagnostic des points aberrants et domaine d'applicabilité du modèle neuronal optimise.

III.2 Collecte des données, prétraitement et analyse

Nous nous intéressons à modéliser le processus de dialyse sanguine pour les patients de l'hôpital de Médéa (Mohamed Boudiaf) (Figure III.1). Notre travail se déroule dans le service de dialyse où nous avons identifié les patients nécessitant une dialyse sanguine et acquit une connaissance approfondie des différentes étapes et des équipements nécessaires pour mener à bien le processus de dialyse.



Figure III.1. Hôpital Mohamed Boudiaf Médéa (Google Maps).

Dans cette étude, nous avons utilisé les données de 4 patients de l'hôpital de Mohamed Boudiaf (Médéa) et de 3 patients de l'hôpital d'Ahmed Francis (Oued Rhiou, Rélizane. Un ensemble de 108 points de données avec 13 paramètres d'entrée : (Sodium "Na", Potassium "K", Globules Blancs "GB", Globules Rouges "GR", Hémoglobine "HGB", poids d'entrée, poids de sortie, débit de dialyseur, surface effective(A), temps et débit de la pompe à sang) et deux paramètres de sortie (urée et créatinine) a été utilisé pour tester le réseau de neurones.

Le nombre total de variables d'entrées a été réduit en utilisant une matrice de corrélation. La matrice de corrélation de Pearson regroupe l'intensité de la liaison qui existe entre ces variables d'entrées et de sorties. Cette intensité de liaison a été obtenue par le calcul de coefficient de corrélation de Pearson (R) (Equation III.1):

$$r(Z,Y) = \frac{\sum_i (Z_i - \bar{z})(y_i - \bar{y})}{\sqrt{\sum_i (z_i - \bar{z})^2}\sqrt{\sum_i (y_i - \bar{y})^2}} \qquad \text{(III. 1)}$$

Où Z_i est la $i^{\text{ème}}$valeur du vecteur Z (Sodium "Na", Potassium "K", Globules Blancs "GB", Globules Rouges "GR", Hémoglobine "HGB", poids d'entrée, poids de sortie, débit de dialyseur, surface effective(A), temps et débit de la pompe à sang) ; yi est la $i^{\text{ème}}$ valeur du vecteur Y (urée, créatinine); $\bar{z}$et $\bar{y}$ sont respectivement les moyennes arithmétiques des vecteurs *Z* et *Y*. Le degré de coefficient de corrélation de Pearson doit être modéré (r <0.75) (Ammi 2016).

Tableau III.1 représente la matrice des coefficients de corrélation de Pearson pour la base de données (BD). Il montre clairement qu'il existe deux valeurs de corrélations de Pearson inacceptables entre les entrées (r > 0.75), l'une entre le poids de sortie et le poids d'entrée " r = 0.9422" et l'autre entre la surface effective et le débit de dialyseur " r = 0.8147", ce qui implique le choix de variables d'entrées de quatre modèles neuronaux "RN1, RN2, RN3, et RN4" comme mentionner dans le tableau III.2.

Tableau III.1. Matrice des coefficients de corrélation de Pearson pour la base de données (BD)

	Na	**K**	**GB**	**GR**	**HGB**	**Poids d'entrée**	**Poids de sortie**	**Débit de dialyseur**	**Surface effective**	**Temps**	**Pompe à sang**	**Urée**	**Créatinine**
Na	1,0000	-0,1377	-0,3525	-0,0401	0,2626	-0,2589	-0,2528	0,1986	0,1329	-0,1775	-0,1357	0,2654	0,1546
K	-0,1377	1,0000	-0,0505	-0,1763	-0,0026	0,4807	0,4473	0,4376	0,2180	0,3710	-0,4381	0,3050	0,4316
GB	-0,3525	-0,0505	1,0000	0,2816	-0,3008	0,2006	0,1168	-0,1931	-0,2383	0,2506	0,0711	-0,4305	-0,2461
GR	-0,0401	-0,1763	0,2816	1,0000	0,3434	-0,4600	-0,5344	-0,3460	-0,2549	-0,3897	0,2872	-0,4493	-0,2298
HGB	0,2626	-0,0026	-0,3008	0,3434	1,0000	-0,3064	-0,2433	0,0453	0,1125	-0,2959	0,0416	-0,0229	-0,0230
Poids d'entrée	-0,2589	0,4807	0,2006	-0,4600	-0,3064	1,0000	0,9422	0,5548	0,3764	0,6885	-0,5859	0,3381	-0,0051
Poids de sortie	-0,2528	0,4473	0,1168	-0,5344	-0,2433	0,9422	1,0000	0,5144	0,3492	0,7006	-0,5175	0,3474	0,0566
Débit de dialyseur	0,1986	0,4376	-0,1931	-0,3460	0,0453	0,5548	0,5144	1,0000	0,8147	0,3831	-0,9518	0,5860	0,2147
Surface effective	0,1329	0,2180	-0,2383	-0,2549	0,1125	0,3764	0,3492	0,8147	1,0000	0,1628	-0,6402	0,3450	-0,1632
Pompe à sang	-0,1775	0,3710	0,2506	-0,3897	-0,2959	0,6885	0,7006	0,3831	0,1628	1,0000	-0,3713	0,2445	0,1228
Temps	-0,1357	-0,4381	0,0711	0,2872	0,0416	-0,5859	-0,5175	-0,9518	-0,6402	-0,3713	1,0000	-0,5501	-0,2643
Urée	0,2654	0,3050	-0,4305	-0,4493	-0,0229	0,3381	0,3474	0,5860	0,3450	0,2445	-0,5501	1,0000	0,4548
Créatinine	0,1546	0,4316	-0,2461	-0,2298	-0,0230	-0,0051	0,0566	0,2147	-0,1632	0,1228	-0,2643	0,4548	1,0000

Tableau III.2 représente les variables d'entrée et sortie utilisées pour développer quatre modèles neuronaux.

Tableau III.2. Entrées et sortie utilisées pour le développement des modèles RN (RN1, RN2, RN3 et RN4).

	RN1	**RN2**	**RN3**	**RN4**
Entrées	- Na -K -GB -GR -HGB -Poids de sortie -Surface effective -Temps -Pompe à sang	- Na -K -GB -GR -HGB -Poids d'entrée -Débit de dialyseurs -Temps -Pompe à sang	- Na -K -GB -GR -HGB -Poids de sortie -Débit de dialyseurs -Temps -Pompe à sang	- Na -K -GB -GR -HGB -Poids d'entrée -Surface effective -Temps -Pompe à sang
Sorties	-Urée -Créatinine	-Urée -Créatinine	-Urée -Créatinine	-Urée -Créatinine

L'analyse statistique des données d'entrées et de sorties, en termes du minimum « min », de la moyenne arithmétique « $\bar{x}$ » (Équation III.2), du maximum « max » et de la déviation standard (écart type) « DS » (Équation III.3) (Ammi 2016), sont présentées dans le tableau (III.3).

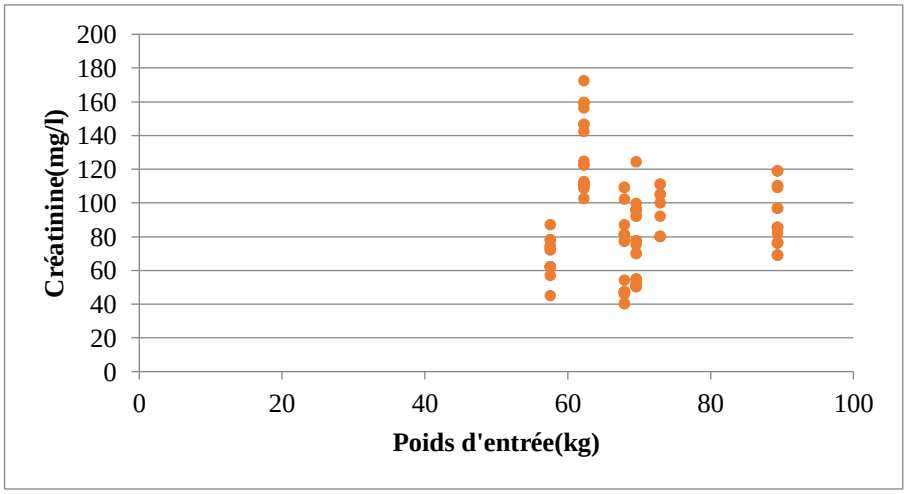
$$\bar{x} = \frac{1}{n}\sum_{i=1}^{n} x_i \qquad \text{(III. 2)}$$

$$DS = \left(\frac{1}{n}\sum_{i=1}^{n}(x_i - \bar{x})^2\right) \qquad \text{(III. 3)}$$

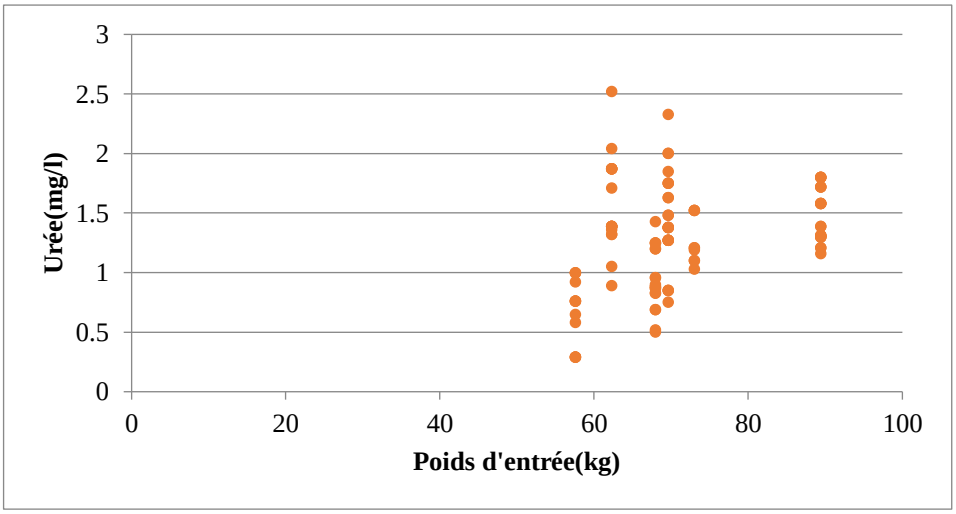
Tableau III.3. Analyse statistique des données d'entrée et de sortie (BD).

	Min	**Moyenne**	**Max**	**DS**
Na (mmol/L)	131.2000	136.4639	143.8000	2.8753
***K* (mmol/L)**	3.2500	5.2428	7.6000	1.1107
GB (* 10^9/L)	3.1400	6.4994	11.3000	2.0513
***GR* (*10^12/L)**	2.6000	3.7566	5.5000	0.6046
***HGB* (g/dl)**	8.7000	11.1861	13.7000	1.1892
Poids d'entrée (kg)	57.6000	70.7954	89.4000	10.4353
Poids de sortie (kg)	55.0000	68.5056	96.0000	10.6964
Débit de dialyseur (QD) (ml/min)	500.0000	770.3704	1000.0000	228.0594
Surface effective (m^2)	1.0000	1.2667	1.8000	0.3326
Temps (h)	3.0000	3.5926	4.0000	0.2991
Débit de la pompe (ml/min)	200.0000	255.3704	330.0000	43.6517
Urée (mg/l)	0.2900	1.2748	2.5200	0.4392
Créatinine (mg/l)	40.0000	88.5368	172.3700	29.3187

La figure III.2 (a) représente les valeurs de la créatinine en fonction de poids d'entrée des patients pour la base de données totale. La figure III.2 (b) représente les valeurs d'urée en fonction de poids d'entrée des patients pour la base de données totale.



(a)



(b)

Figure III.2 Créatinine et urée expérimentales en fonction de poids d'entrées des patients.

III.3 Développement des modèles RNA

Dans ce travail, une procédure basée sur le développement et l'optimisation de l'architecture d'un RNA est décrite. Elle est basée, comme décrite sur l'organigramme ci-dessous.

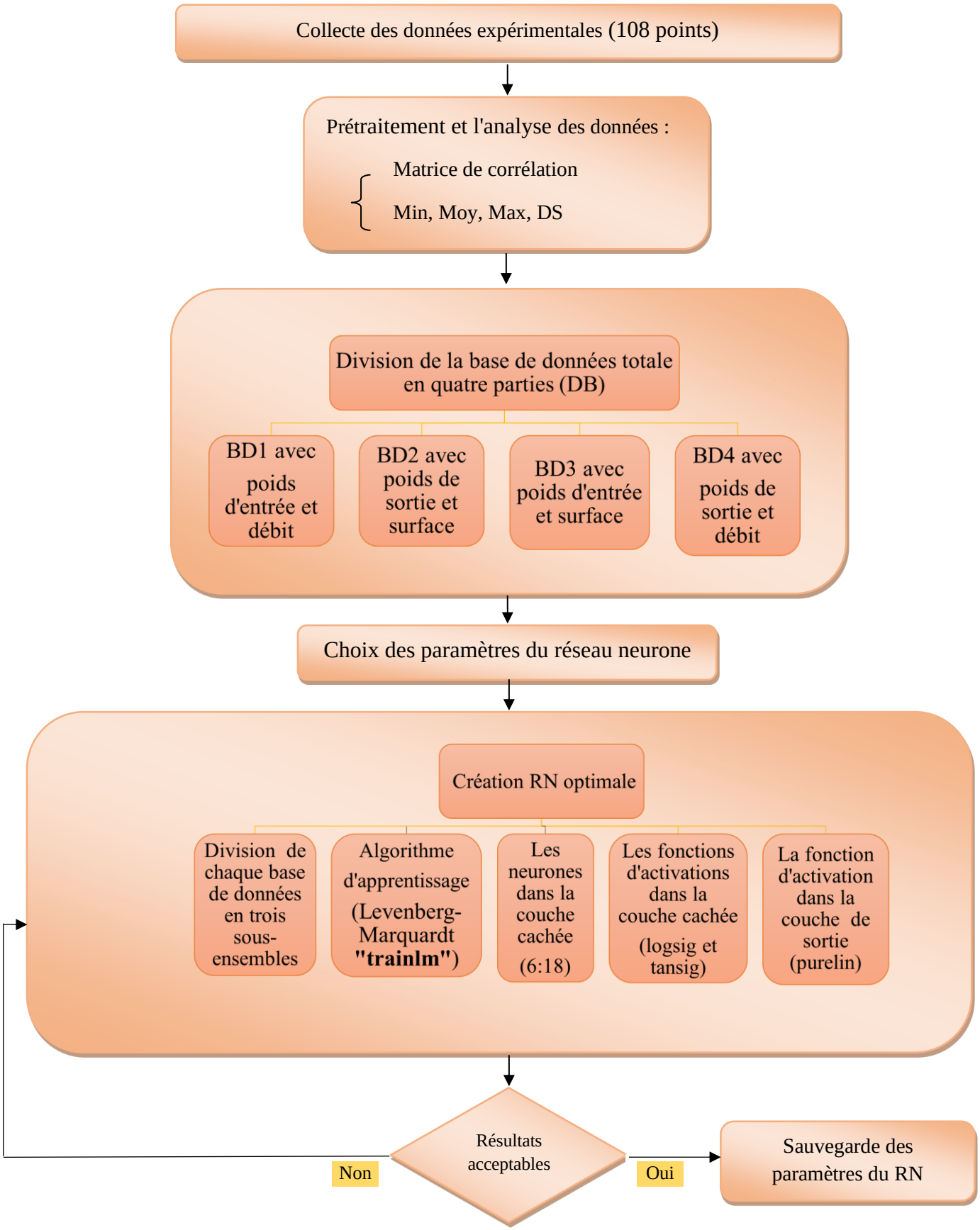


Figure III.3. Organigramme de développement et l'optimisation de l'architecture d'un RNA.

La base de données finale est divisée en 04 bases de données, chaque base de données est divisée en 3 bases : base d'apprentissage avec 64 points (60%), base de test avec 22 points (20%), base validation avec 22 points (20%). L'algorithme d'apprentissage utilisé dans ce travail est Levenberg-Marquardt **"trainlm"**. Le modèle neuronal contient trois couches de neurones ou des nœuds : une couche d'entrée avec 9 neurones dans la couche d'entrée, une couche cachée avec un nombre de neurones actifs optimisés lors de l'apprentissage et une couche de sortie avec deux unités générant les valeurs estimées de l'urée et de créatinine. Le nombre de neurones dans la couche cachée a été varié de 6 à 18 neurones. Les fonctions d'activations (la tangente hyperbolique sigmoïde "tansig" et la sigmoïde logarithmique "logsig") ont été utilisées dans la couche cachée. La fonction de transfert linéaire "purelin" a été utilisée dans la couche de sortie. La procédure d'élaboration du RN décrite ci-dessus a été réalisée en utilisant MATLAB R2014b. Ce logiciel est utilisé pour optimiser l'architecture des quatre modèles neuronaux RN employés pour la modélisation de l'hémodialyse.

III.4 Performance des modèles neuronaux

Les résultats de performances de quatre modèles neuronaux en termes du coefficient de corrélation (R) pour les deux fonctions d'activation "tansig et logsig" sont résumés dans les tableaux III.3, III.4 respectivement. Les résultats montrent que le troisième modèle neuronal avec 15 neurones cachés et la fonction d'activation tangente hyperbolique sigmoïde "tansig" donne des meilleur résultats (R=0.9997 pour la phase de l'apprentissage, R=0.9987 pour la phase validation, R=0.9983 pour la phase de test et R=0.9994 pour la phase totale). Ceci implique que le modèle RNA_3 est le réseau de neurones optimal ($RNA_{optimal}$).

Table III.4. Effet de nombre de neurones cachés avec fonction de transfert "tansig ".

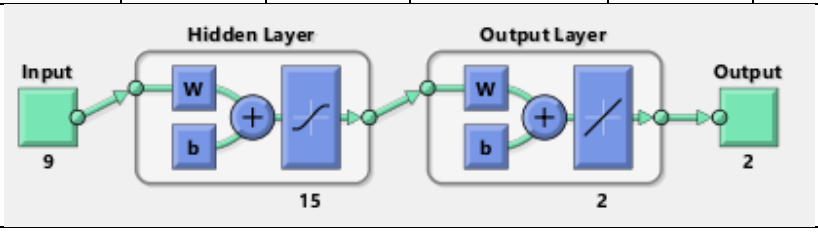
	Nombre de neurones caché	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16	17	18
RNA1	Training phase	0.9907	0.9865	0.9901	0.9911	0.9865	0.9892	0.9845	0.9977	0.994	0.9861	1	0.9970	0.9964
	Validation phase	0.9948	0.9927	0.9984	0.9905	0.9542	0.9916	0.9930	0.9964	0.9932	0.9995	0.9999	0.9970	0.9965
	Test phase	0.9866	0.9945	0.9898	0.9842	0.9929	0.9963	0.9999	0.9988	0.9924	1	0.9992	0.9968	0.9955
	Total phase	0.9907	0.9882	0.9899	0.9898	0.9827	0.9904	0.9875	0.9977	0.9933	0.9899	0.9998	0.9970	0.9962
RNA2	Training phase	0.9945	0.9832	0.9823	0.9684	0.9993	0.9814	0.9932	0.9950	0.9835	0.9957	0.9864	0.9954	0.9957
	Validation phase	0.9905	0.9882	0.9914	0.9921	0.9936	0.9904	0.9930	0.9999	0.9882	0.9990	0.9986	0.9995	0.9995
	Test phase	0.9975	0.9718	0.9771	0.9990	0.9992	0.9988	0.9997	0.9998	0.9990	0.9997	0.9990	0.9996	0.9974
	Total phase	0.9943	0.982	0.983	0.9753	0.9982	0.9852	0.9940	0.9962	0.9865	0.9968	0.9907	0.9964	0.9964
RNA3	Training phase	0.9877	0.9855	0.9635	0.9920	0.9940	0.9962	0.9957	0.9699	0.9926	0.9997	0.9768	0.9823	0.9893
	Validation phase	0.9868	0.9929	0.9754	0.9539	0.9962	0.9986	0.9967	0.9899	0.9989	0.9987	1	0.9772	0.9988
	Test phase	0.9994	0.9885	0.9305	0.9954	0.9932	0.9968	0.9995	0.9914	0.9992	0.9983	0.9989	1	0.9967
	Total phase	0.9892	0.9867	0.9598	0.9864	0.9941	0.9967	0.9962	0.9757	0.9942	0.9994	0.9827	0.9841	0.9920
RNA4	Training phase	0.9896	0.9808	0.9900	0.9929	0.9953	0.9804	0.9940	0.9951	0.9999	0.9999	0.9865	0.9855	0.9908
	Validation phase	0.9897	0.9824	0.9947	0.9974	0.9926	0.9699	0.9861	0.9849	0.9997	0.9975	0.9593	0.9902	0.9835
	Test phase	0.9866	0.9755	0.9940	0.9923	0.9717	1	0.9878	0.9998	0.9003	0.9419	0.9983	0.9999	0.9978
	Total phase	0.9886	0.9799	0.9977	0.9931	0.9910	0.9814	0.9920	0.9941	0.9813	0.9887	0.9846	0.9877	0.9906

Table III.5. Effet de nombre de neurones cachés avec fonction de transfert "logsig".

	Nombre de neurones caché	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16	17	18
RNA1	Training phase	0.9430	0.9988	0.9855	0.9909	0.9757	0.9977	0.9963	0.9813	0.9842	0.9897	0.9959	0.9999	1
	Validation phase	0.9858	0.9985	0.9775	0.9866	0.9916	0.9734	0.9824	0.9943	0.9902	0.9915	0.9997	0.9642	0.9999
	Test phase	0.9695	0.9744	0.9894	0.9873	0.9893	0.9824	0.9991	0.9877	0.9802	0.9852	0.9960	0.9867	0.9924
	Total phase	0.9532	0.9944	0.9843	0.9895	0.9799	0.9917	0.9941	0.9837	0.9841	0.9877	0.9966	0.9916	0.9984
RNA2	Training phase	0.9984	0.9803	0.9888	0.9846	0.9710	0.9743	0.9903	1	0.9939	0.9789	0.9702	0.9986	0.9889
	Validation phase	0.9929	0.9952	0.9986	0.9995	0.9823	0.9999	0.9993	0.9872	0.9856	0.9945	0.9961	0.9526	0.9997
	Test phase	0.986	0.9951	0.9986	0.9941	0.9867	0.9999	0.9936	0.9804	0.9862	0.9758	0.9984	0.9915	0.9959
	Total phase	0.9957	0.9848	0.9910	0.9881	0.9753	0.9824	0.9904	0.9955	0.9910	0.9809	0.9779	0.9912	0.9917
RNA3	Training phase	0.9873	0.9745	0.9958	0.9961	0.9885	0.9785	0.9916	0.9980	0.9635	0.9996	0.9989	0.9755	0.9926
	Validation phase	0.9837	0.9969	0.9926	0.9953	0.9999	0.9759	0.9928	0.9661	0.9981	0.9824	0.9937	0.9987	0.9891
	Test phase	0.9825	0.9951	0.9868	0.9970	0.9966	0.9871	0.9999	0.9976	0.9997	0.9991	0.9991	0.9999	0.9816
	Total phase	0.9837	0.9803	0.9932	0.9960	0.9907	0.9790	0.9929	0.9936	0.9726	0.9964	0.9984	0.9827	0.9889
RNA4	Training phase	0.9901	0.9891	0.9988	0.9828	0.9883	0.9999	0.9729	0.9986	0.9979	0.9868	0.9942	0.9870	0.9986
	Validation phase	0.9919	0.9857	0.9986	0.9713	0.9975	0.9806	0.9883	0.9570	0.9568	0.9663	0.9851	0.9365	0.9732
	Test phase	0.9908	0.9697	0.9962	0.9882	0.9988	0.9887	0.9898	0.9815	0.9828	0.9919	0.9997	0.9900	0.9902
	Total phase	0.9902	0.9854	0.9983	0.9821	0.9913	0.9947	0.9771	0.9877	0.9898	0.9851	0.9933	0.9874	0.9938

Le tableau III.6 montre la structure de modèle neuronal $RN_{optimal}$.

Table III.6. Structure de modèle RN optimal.

Algorithme d'apprentissage	Couche entrée	Couche cachée		Couche sortie	
	Nombre de neurone	Nombre de neurone	Fonction d'activation	Nombre de neurone	Fonction d'activation
Levenberg Marquardt (trainlm)	9	15	tansig	2	Purelin
					

Selon la discussion précédente, un modèle neuronal $RN_{optimal}$ a été développé dans le but de la modélisation de l'hémodialyse. L'intrigue et les paramètres de la régression linéaire sont franchement obtenus. Le pouvoir de prédiction d'un tel modèle peut être estimé par le coefficient de corrélation *R*, une valeur de *R* supérieure à 0.5 est généralement considérée comme satisfaisante, une valeur supérieure à 0.9 est excellente (Benrkia et Boulenoir 2022).

La figure III.4 montre les courbes de régression linéaire des taux de sorties calculés par modèle neuronal "$RN_{optimal}$" optimisé avec les sorties expérimentales avec des vecteurs de régression approchant de l'idéal ([α, β, R] = [1.0000, -0.096,0.9997] "phase d'apprentissage" ; [α, β, R] = [1,0.35,0.9987,] "phase de validation"; [α, β, R] = [1.0000,-0.1800,0.9983] "phase de test" , et [α, β, R] = [1.0000,-0.0350,0.9994] "phase total"). Le coefficient de corrélation est couramment considéré comme excellente (R> 0.9980) pour toutes les phases, ce qui montre une bonne robustesse du modèle neuronal "$RN_{optimal}$" établi et la possibilité de la prédiction des différents paramètres qui caractérisent la modélisation de l'hémodialyse.

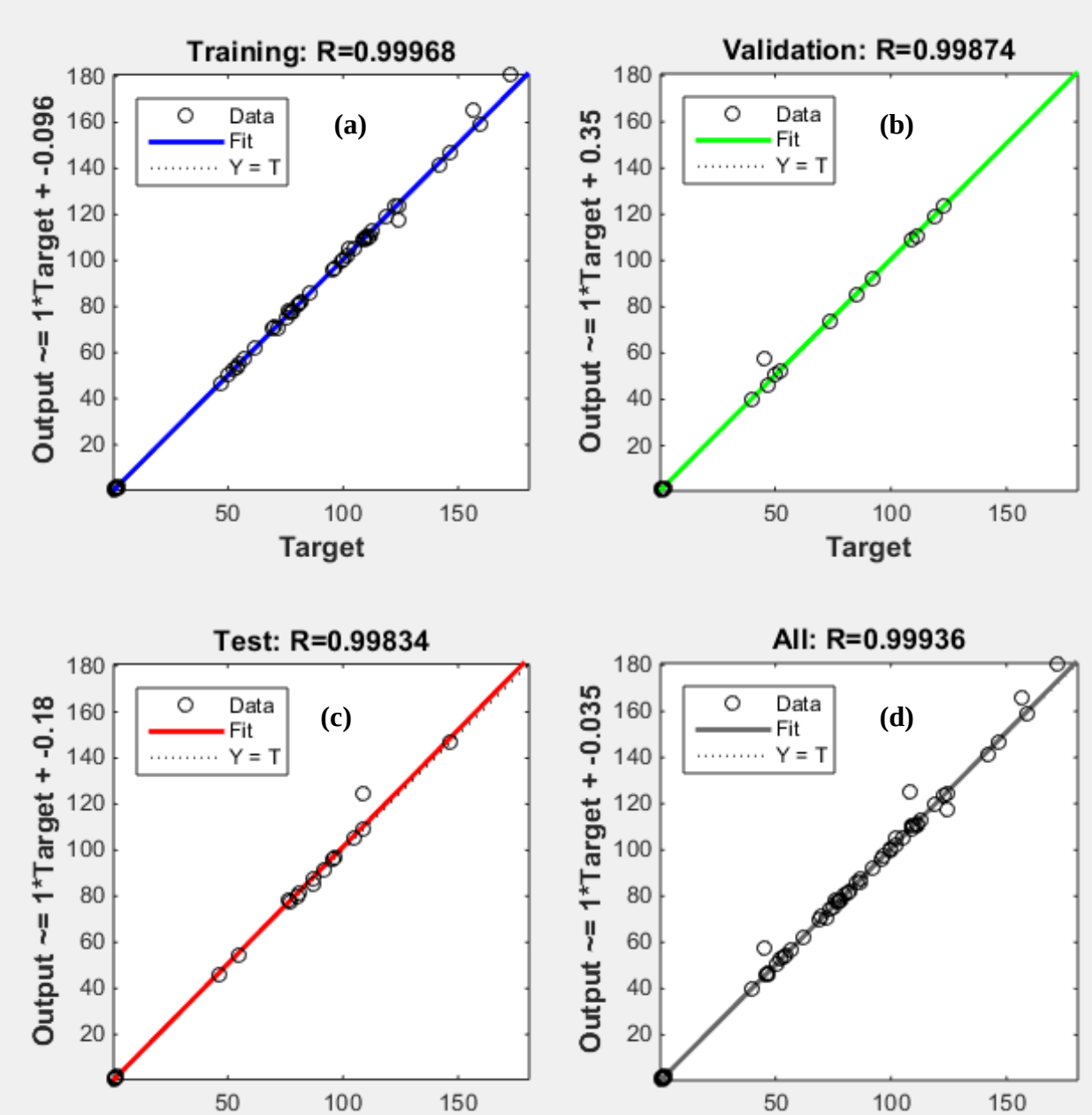


Figure III.4. Comparaison entre les valeurs expérimentales et les valeurs calculées pour $RN_{optimal}$: (a) la phase d'apprentissage, (b) la phase de validation, (c) la phase de test et (d) la phase totale.

Les vecteurs de régression linéaire pour le modèle neuronal optimal ($RNA_{optimal}$) sont présentés dans le tableau III.6. Ceci montre que les paramètres de la régression les plus favorables sont ceux obtenus. Il est prouvé que l'approche neuronale proposée donne des résultats excellents avec des valeurs de vecteur de régression approchant à l'idéal [équation linéaire] : $y^{cal} = ay^{exp} + \beta$, $\boldsymbol{\alpha}$**=1**(pente), $\boldsymbol{\beta}$**=0**(ordonnée à l'origine), ***R***=**1**(coefficient de corrélation)] dans l'ajustement de profil de $RNA_{optimal}$.

Tableau III.7. Vecteurs de régression linéaire issue de l'équation linéaire : [$y^{cal} = \alpha y^{exp} + \beta$, $\boldsymbol{\alpha}$ (pente), $\boldsymbol{\beta}$ (ordonnée à l'origine), $\boldsymbol{R}$ (coefficient de corrélation)].

	$\boldsymbol{\alpha}$	$\boldsymbol{\beta}$	$\boldsymbol{R}$
Phase apprentissage	1.0000	-0.0960	0.9997
Phase de validation	1.0000	0.3500	0.9999
Phase de test	1.0000	-0.1800	0.9983
Totale	1.0000	-0.0350	0.9994

La performance de modèle neuronal $RN_{optimal}$ a été évaluée en termes de coefficient de corrélation (R), l'erreur absolue moyenne *(EAM*), la racine de l'erreur quadratique moyenne (*REQM*) et l'erreur de standard de prédiction (*ESP*) (Benrekia et Boulenoire 2022) :

$$EAM = \frac{1}{n}\sum_{i=1}^{n}\left|(y_{i,exp} - y_{i,cal})\right| \quad \text{(III. 4)}$$

$$\text{REQM} = \sqrt{\frac{\sum_{i=1}^{n}(Y_{i,exp} - Y_{i,cal})^2}{n}} \quad \text{(III. 5)}$$

$$ESP(\%) = \frac{REQM}{Y_e} * 100 \quad \text{(III. 6)}$$

Où n est le nombre total de données, $y_{i,exp}$ est la valeur expérimentale, $y_{i,cal}$ représente la valeur calculée à partir du modèle $RN_{optimal}$ et Y_e est la valeur moyenne des données expérimentales.

La figure III.5 représente la performance de modèle neuronal optimal. Elle montre que le modèle $RN_{optimal}$ a donné des erreurs plus faibles. Ce qui indique que le modèle $RN_{optimal}$ possède une capacité de modélisation très élevée.

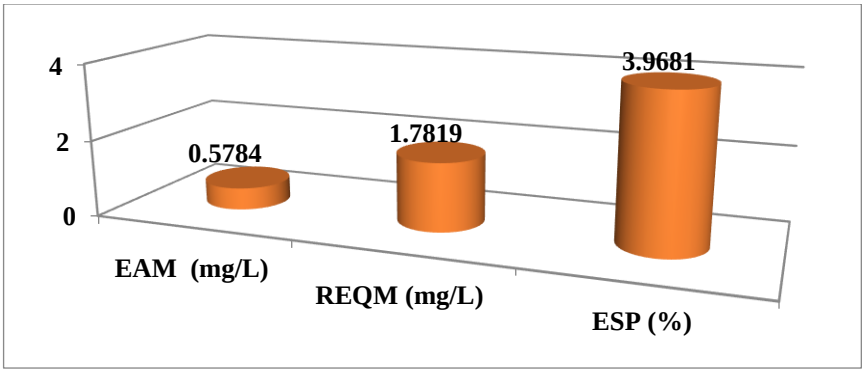


Figure III.5. Performances de modèle neuronal $RN_{optimal}$ pour la phase totale.

III.5 Expressions mathématiques de modèle neuronal optimal

À partir du $RN_{optimal}$ représenté sur la figure III.6, on peut exprimer l'assimilation de l'urée et de créatinine par un modèle mathématique y (urée et créatinine) incorporant toutes les entrées *Ei* (Na, k, GB, GR, HGB, Poids d'entrée, poids de sortie, débit de dialyseur, surface effective, temps et débit de la pompe à sang) comme suit :

Les sorties $Z_j$de la couche cachée :

$$Z_j = f_h\left[\sum_{i=1}^{9} w_{ji}^I E_i + b_j^h\right] = \frac{exp\left(\sum_{i=1}^{9} w_{ji}^I E_i + b_j^h\right) - exp\left(-\sum_{i=1}^{9} w_{ji}^I E_i + b_j^h\right)}{exp\left(\sum_{i=1}^{9} w_{ji}^I E_i + b_j^h\right) + exp\left(-\sum_{i=1}^{9} w_{ji}^I E_i + b_j^h\right)} \qquad (III.7)$$

i =1,2,……9

j =1, 2,…. 15

La sortie "Urée et Créatinine" :

$$Urée \text{ et Creatinine } (RN) = f_0\left[\sum_{j=1}^{15} w_{kj}^h Z_j + b_k^o\right] = \sum_{j=1}^{15} w_{kj}^h Z_j + b_k^o \qquad (III.8)$$

k =1 et 2

La combinaison des équations (III.7) et (III.8) mène à la formule mathématique suivante qui décrit l'assimilation de l'urée et de créatinine en prenant en compte toutes les entrées *Ei* ((Na, k, GB, GR, HGB, Poids d'entrée, poids de sortie, débit de dialyseur, surface effective, temps et débit de la pompe à sang) :

$$Urée \text{ et Creatinine } = \sum_{j=1}^{15} w_{kj}^h \frac{exp\left(\sum_{i=1}^{9} w_{ji}^I E_i + b_j^h\right) - exp\left(-\sum_{i=1}^{9} w_{ji}^I E_i + b_j^h\right)}{exp\left(\sum_{i=1}^{9} w_{ji}^I E_i + b_j^h\right) + exp\left(-\sum_{i=1}^{9} w_{ji}^I E_i + b_j^h\right)} + b_k^o \qquad (III.9)$$

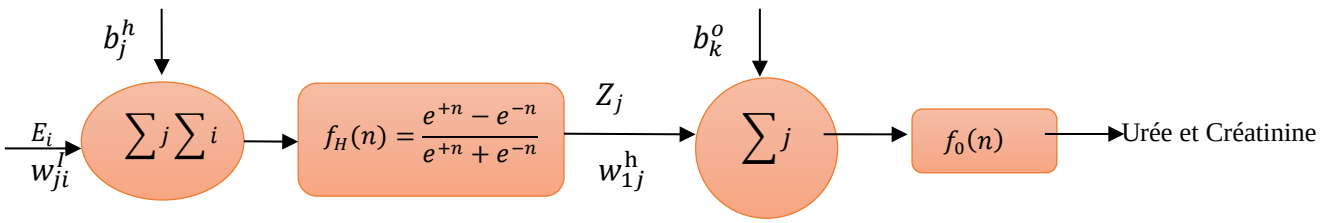


Figure III.6. Représentation schématique du $RN_{optimal}$.

Où :

w_{ji}^{I}: représente le poids synaptique de la connexion du neurone *i* de la couche d'entrée au neurone *j* de la couche cachée (15 lignes x 13 colonnes).

w_{kj}^{h}: représente le poids synaptique de la connexion du neurone *j* de la couche cachée au neurone de la couche de sortie (15 lignes x 2colonne).

b_j^h: représente les biais du neurone *j* de la couche cachée (15 lignes).

b_k^o : représente les biais du neurone *k* de la couche de sortie .

Les matrices des poids et biais, sont donnés dans le tableau III.8 :

Tableau III.8. Poids et biais du $RNA_{optimal}$.

Connexions Couche d'entrée-Couche cachée										**Connexions Couche cachée-Couche de sortie**		
Poids									**Biais**	**Poids**		**Biais**
$w_{j,1}^{I}$	$w_{j,2}^{I}$	$w_{j,3}^{I}$	$w_{j,4}^{I}$	$w_{j,5}^{I}$	$w_{j,6}^{I}$	$w_{j,7}^{I}$	$w_{j,8}^{I}$	$w_{j,9}^{I}$	b_j^H	$w_{1,j}^{H}$	$w_{2,j}^{H}$	b_k^0
2.3490	1.8687	-0.017567	1.6643	-1.7129	0.53912	-1.15571	1.7602	-0.54372	-1.5787	0.26287	1.4203	
-0.35096	-0.22612	0.79215	-1.1261	0.52934	-1.4582	0.89515	0.87955	0.40565	-2.122	-0.76991	-1.2082	
0.54513	0.97898	1.0077	-0.20622	0.49709	-0.46663	1.799	-1.0571	-1.0528	-1.2268	0.12888	0.93396	
-1.7317	1.9701	1.1776	0.91955	0.51657	0.53287	1.8495	0.043084	-0.26307	1.6658	0.14028	-0.45013	
-0.22649	1.1541	-2.2279	-1.7104	0.21474	-0.92516	-0.048767	0.17785	-0.65631	-0.81254	0.53284	0.4107	
0.78535	-1.0018	-0.7333	0.87457	0.031244	0.047043	-0.40384	-1.0625	-0.69491	-0.60802	0.79278	0.17501	0.049677
1.7911	0.087627	-1.47960	0.87044	-0.27426	-0.21136	-0.35664	-1.0691	0.42396	-0.24082	-0.8066	-1.1058	
1.6082	-0.65331	-1.2598	-0.050438	1.0175	-0.13571	0.13599	-1.3056	-0.019929	0.49524	0.049771	0.91362	
0.459	0.84287	0.3336	1.3347	0.058724	0.83434	0.23286	-0.34173	-1.2768	0.49641	-0.20523	0.35902	1.2596
0.76167	0.38232	-1.7282	-0.37079	-1.0381	-0.57273	0.15301	2.0001	0.11317	1.0239	0.354657	0.087209	
-0.60084	1.3206	1.4035	1.4596	-0.46571	0.94611	-0.07612	0.23575	-0.47999	-1.1898	0.070116	-0.83578	
0.13976	0.84175	1.112	1.5126	-1.0185	0.59715	-0.61183	-1.5284	0.93766	-1.2586	0.51528	1.2518	
-2.4143	0.26341	-0.62021	0.20209	-0.67086	-0.53728	-1.1055	1.0813	-0.84967	-1.4898	-0.28362	0.54516	
-1.2024	-0.70701	-0.26144	-0.08297	0.86928	-0.094719	-1.1233	0.94242	-0.61374	-1.8729	0.25726	0.71966	
-1.5379	-0.4597	0.84057	-1.0640	0.78999	-0.2889	-0.75949	-1.0582	-1.4204	-2.9507	0.45818	1.0229	

L'équation mathématique, dérivant le modèle neuronal "$RN_{optimal}$" optimisé, contient juste le degré exigé de complexité et incluent dans leurs formules les caractéristiques pertinentes de la modélisation de l'hémodialyse. Ils peuvent donc facilement être appliqués dans des boucles de

contrôle du processus de l'hémodialyse. L'architecture des réseaux de neurones optimaux obtenus est donnée sur la figure III.7, ci-après.

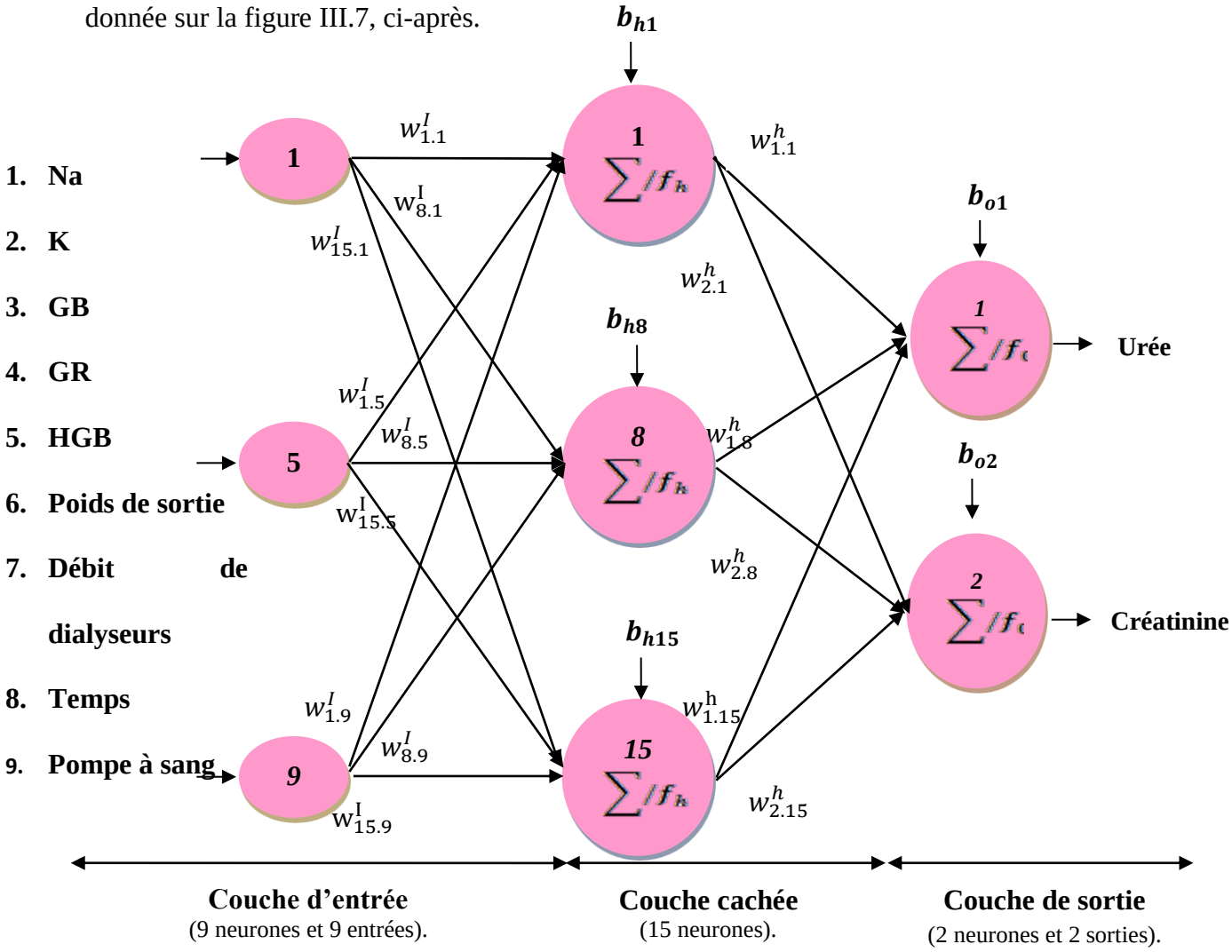


Figure III.7. Architecture finale du réseau de neurone optimal de type feedforward.

III.6 Analyse de sensibilité par la méthode de "poids"

La contribution des variables d'entrées (Na, K, GB, GR, HGB ainsi que poids d'entrée, poids de sortie, débit de dialyseur, surface effective, temps et débit de la pompe à sang) sur la sortie a été déterminée par une analyse de sensibilité en utilisant la méthode de "poids" pour chaque réseau de neurone RN.

Cette méthode, proposée d'abord par Garson (Garson 1991) et reprise par Goh (Goh 1995), donne une quantification de l'importance relative (*IR*) des différentes entrées sur la sortie du RN (Gevrey et al. 2003). Elle se base sur le partitionnement des poids de connexions en :

- Poids de connexions entrée-cachée (w_{ji}^{I}).
- Poids de connexions cachée-sortie (w_{1j}^{H}).

Le processus de calcul, compose de quatre étapes, est schématisé sur l'organigramme ci-dessous (Khaouane 2013).

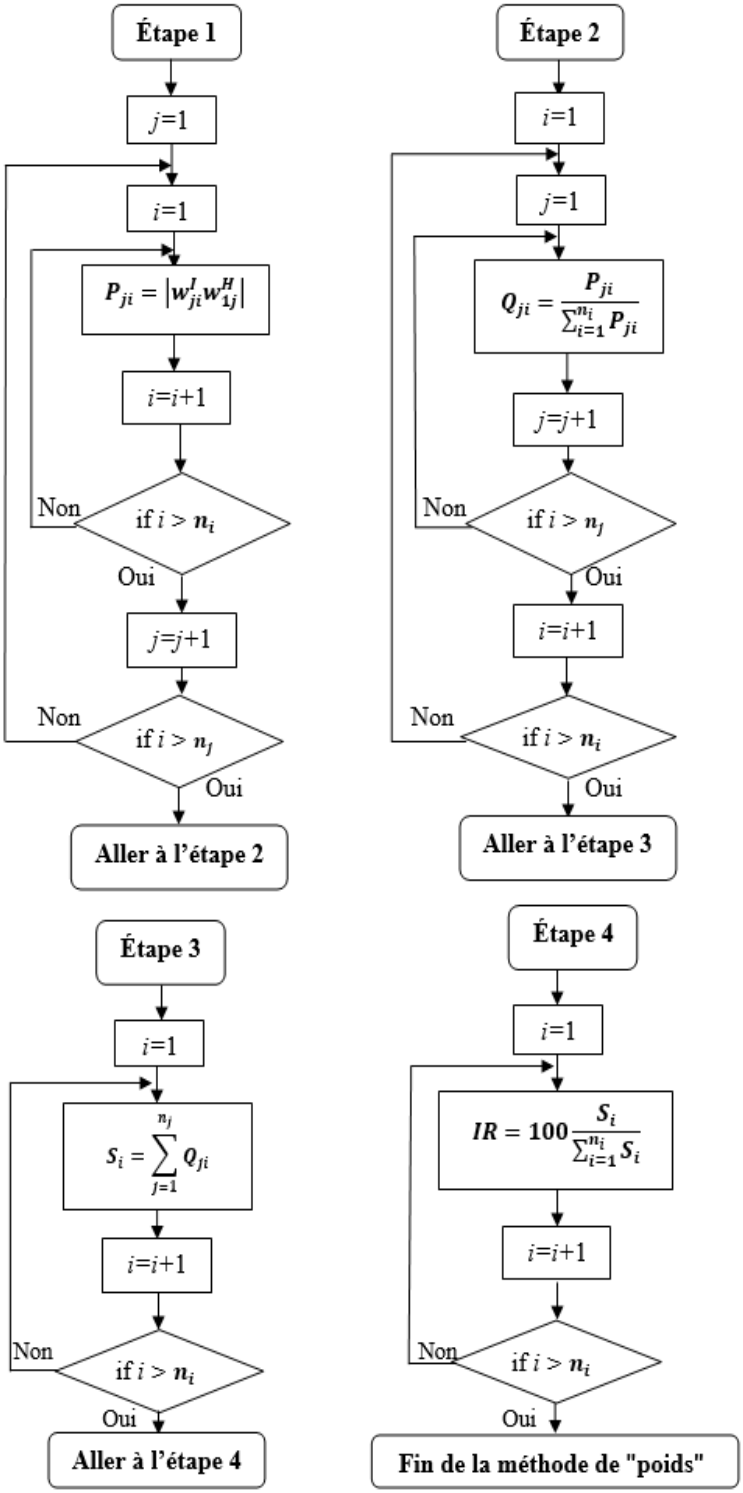
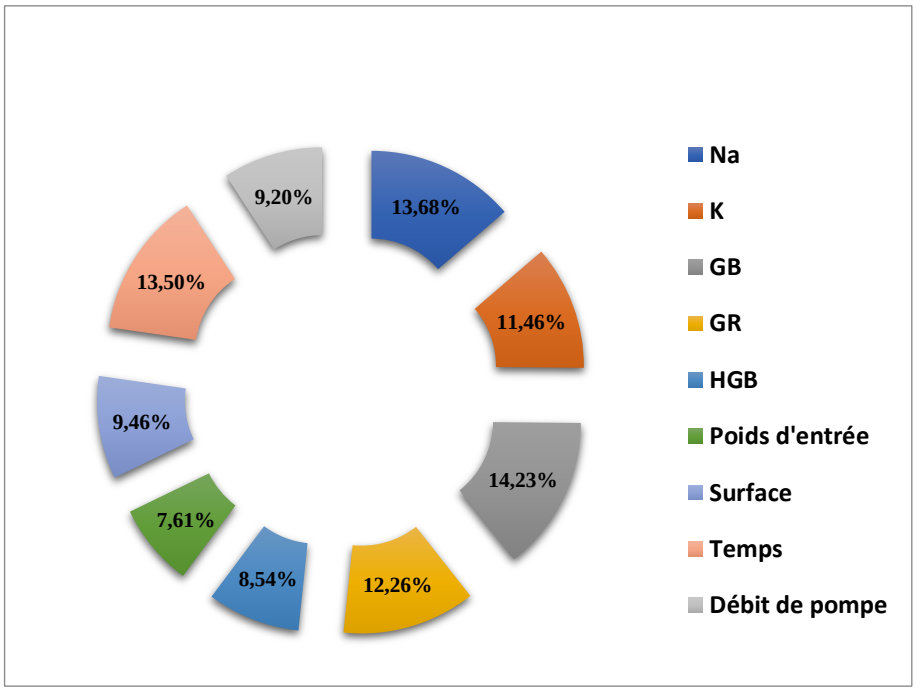


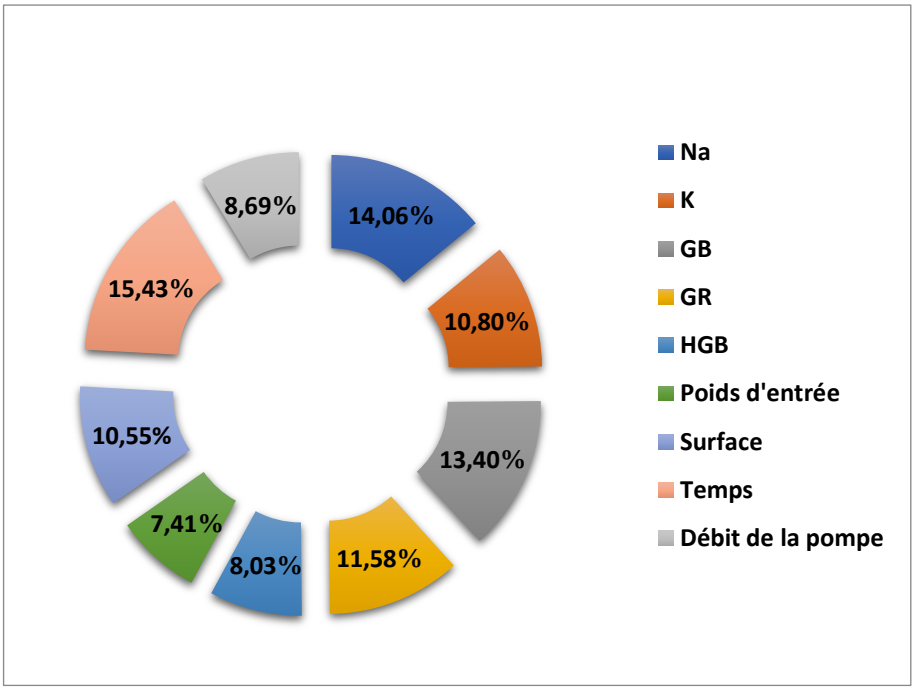
Figure III.8. Organigramme de la méthode de "poids" (Khaouane 2013).

Nous avons effectué une analyse de sensibilité à l'aide de la méthode des "poids" afin d'observer la contribution et le profil de variation de chaque variable d'entrée (Na, K, GB, GR, HGB,

Poids d'entrée, Surface, Temps, Débit de la pompe) sur la sortie (urée, créatinine) du réseau $RN_{optimal}$ Nous avons appliqué cette méthode au $RNA_{optimal}$ en utilisant leurs poids respectifs illustrés dans le tableau III.8. Les résultats de contributions sont montrés sur la figure III.7. Les variables les plus pertinentes qui peuvent influer sur la créatinine : **(a)** GB, Na, Temps, GR, K, surface, débit de la pompe, HGB et poids d'entrée et sur l'urée : **(b)** Temps, Na, GB, GR, K, Surface, débit de la pompe, HGB et poids d'entrée. L'analyse de sensibilité basée sur la méthode de "poids" montre que les variables les plus pertinentes qui peuvent influer sur l'urée et sur la créatinine possèdent des importances relatives $IR > 10$ (Temps, Na, GB, GR, K, Surface). Les résultats de l'analyse de sensibilité par la méthode "poids" montrent que les globules blancs ont une bonne contribution sur la créatinine et le temps a une bonne contribution sur l'urée.



(a)



(b)

Figure III.9. Présentation des pourcentages de l'importance relative (*IR*) de chaque variable d'entrée sur créatinine (a), urée (b).

III.7 Diagnostic des points aberrants et domaine d'applicabilité du modèle neuronal optimisé

Les diagrammes de dispersions des modèles optimisés ont montré un certain nombre des points éloignés de la première bissectrice que nous avons attribué à l'existence probable de points aberrants. Ceci nous a motivé à réaliser un diagnostic des données potentiellement suspectes selon la méthode décrite dans les deux références suivantes (Hosseinzadeh et Hemmati-Sarapardeh 2014).

Les valeurs aberrantes sont bien connues en tant que points de données distincts de la tendance générale des principaux points de données. La détection des valeurs aberrantes, qui joue un rôle important dans la proposition de modèles, est utilisée pour reconnaître des données individuelles (ou des groupes de données) pouvant différer de la masse des données constituant un ensemble de données. À cette fin, il est essentiel de trouver des méthodes rigoureuses pour détecter les valeurs potentiellement suspectes afin d'éliminer des données expérimentales inexactes et d'améliorer la précision des modèles (Hossein zadeh et Hemmati-Sarapardeh 2014). Dans cette étude, la technique mathématique "Leverage" a été utilisée pour rechercher les valeurs aberrantes. Dans cette technique, les valeurs résiduelles sont d'abord calculées. Ensuite une matrice H de points de données d'entrées créée sur la base de la formule suivante :

$$H = X(X^tX)^{-1}X^t \quad (III.10)$$

Où X fait référence à la matrice m × n (m et n représentent respectivement le nombre d'échantillons et les paramètres (variables d'entrée) du modèle). Les valeurs de Hat sont obtenues à partir de la diagonale principale de la matrice de H.

$$Hat = diagonale(H) \quad (III.11)$$

Le diagramme de William qui représente les résidus normalisés en fonction du "Leverage" levier (Hat) peut détecter graphiquement les valeurs aberrantes. Dans ce graphique, le levier critique (H^*) (seuil) est généralement fixé à la valeur donnée par l'équation suivante :

$$H^* = \frac{3(n+1)}{m} \quad (III.12)$$

Où m et n représentent respectivement le nombre d'échantillons et les paramètres (variables d'entrée) du modèle.

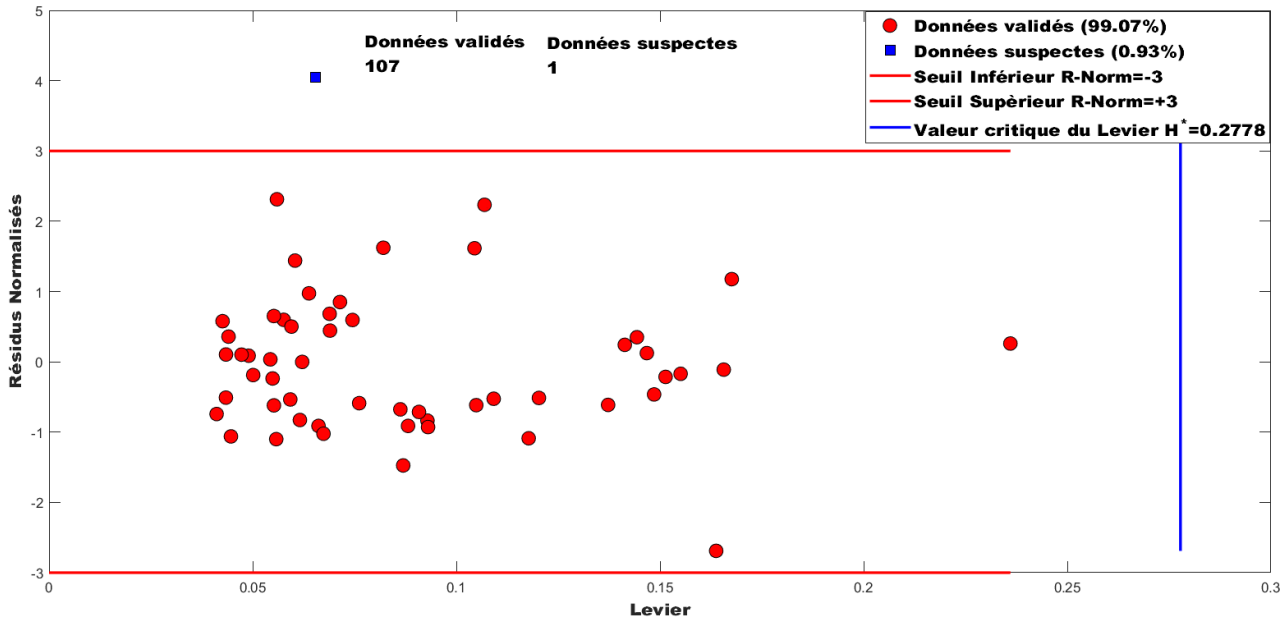
Les résidus normalisés sont calculés à partir des données de la sortie expérimentale et celle calculée par le modèle.

$$(R_Norm)_i = \frac{(y_i^{exp} - y_i^{cal})}{\sqrt{var(y^{exp} - y^{cal})}} \quad i = 1, \dots m \quad (III.13)$$

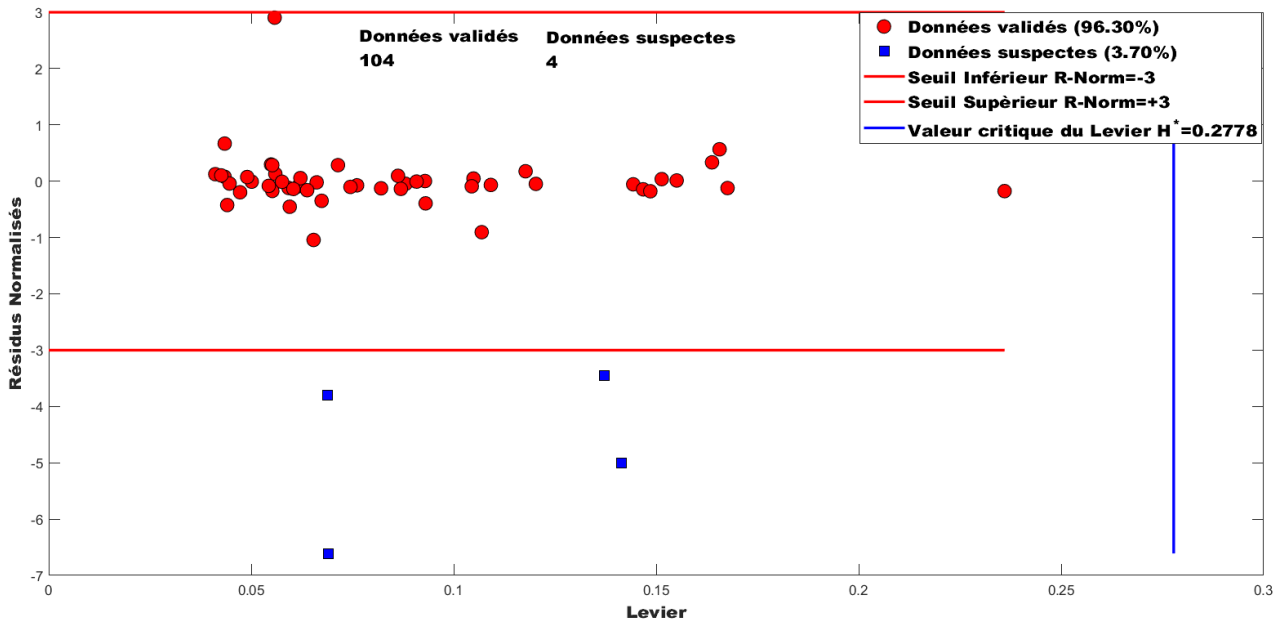
Le résidu normalisé égal à trois est normalement considéré comme une valeur "seuil" pour accepter les points de données dans les écarts types compris sur une plage de ± 3 par rapport à la moyenne (pour couvrir 99% des données normalement distribuées). Si la majorité des points de données se situent dans les plages de $0 \leq Hat \leq H^*$ et de $-3 \leq R_Norm \leq 3$, cela indique que le développement du modèle et ses prédictions sont effectués dans le domaine d'applicabilité, ce qui conduit à un modèle statistiquement valide. Ainsi on peut affirmer qu'il existe des points ''Good High Leverage'' dans le domaine de $0 \leq Hat \leq H^*$ et $-3 \leq R_Norm \leq 3$. Les points situés dans la plage de $R_Norm < -3$ ou $R_Norm > 3$ (qu'ils soient plus grands ou plus petits que la valeur H^*) sont désignés comme points aberrants du modèle ou comme points "Bad High Leverage".

La figure III.8 montre le diagramme de William pour le domaine d'applicabilité de modèle neuronal optimal "$RN_{optimal}$" pour l'urée (a) et la créatinine(b). Dans la figure III.8 (a) il existe de **107/108 (99.07%)** de points de données valides et **1/108 (0.93%)** de points de données suspectes. La valeur critique de levier $\boldsymbol{H^* = \frac{3(n+1)}{m} = \frac{3(9+1)}{108} = 0.2778}$ pour la phase totale. Dans la figure III.8 (b) il existe de **104/108(96.30%)** de points de données valides et **4/108 (3.70%)** de points de données

suspectes. La valeur critique de levier est la même que celle de la créatinine (H^*= **0.2778**) pour la phase totale. Cela indique que le développement du modèle $RN_{optimal}$ et sa prédiction est effectué dans le domaine d'applicabilité Ce qui conduit à un modèle neural optimal statistiquement valide. Ainsi on peut affirmer qu'il existe des points "Good High Leverage" pour la phase totale.



(a)



(b)

Figure III.10. Diagnostic des données potentiellement suspectes et domaine d'applicabilité du modèle neuronal optimal "$RN_{optimal}$" pour la phase totale pour l'urée (a) et pour la créatinine (b).

III.8 Conclusion

Ce présent chapitre a donné une raison de plus pour la modélisation de l'hémodialyse. L'objectif de la présente étude était de développer quatre modèles neuronaux de type feed-forward. Le modèle $RN_{optimal}$ développé dans ce travail a donné des erreurs plus faibles : l'erreur absolue moyenne était EAM = 0.5874mg/L pour phase totale, la racine d'erreur quadratique moyenne était REQM = 1.7819mg/L pour phase totale et l'erreur standard de prédiction était ESP = 3.9681mg/L pour phase totale. Excellentes corrélations ont été était trouvées pour le modèle neuronal optimal "$RN_{optimal}$" pour toutes les phases (R = 0.9997 pour la phase d'apprentissage, R = 0.9987 pour la phase de validation, R = 0.9983 pour la phase de test et R = 0.9994 pour la phase totale), ce qui montre une bonne robustesse du modèle neuronal "$RN_{optimal}$" établi et la possibilité de la prédiction des différents paramètres qui caractérisent la modélisation de l'hémodialyse.

L'analyse de sensibilité par la méthode de "poids" a révélé que les variables les plus importantes qui influent sur la créatinine sont : (a) GB, Na, Temps, GR, K, surface, débit de la pompe, HGB et poids d'entrée, et sur l'urée sont : (b) Temps, Na, GB, GR, K, Surface, débit de la pompe, HGB et poids d'entrée.

L'analyse diagnostic des points aberrants et domaine d'applicabilité du modèle neuronal optimisé a montré que le développement du modèle $RN_{optimal}$ et ses prédictions sont effectués dans le domaine d'applicabilité. Ce qui conduit à un modèle neural optimal statistiquement valide. Ainsi on peut affirmer qu'il existe des points "Good High Leverage" pour la phase totale.

Conclusion générale et perspectives

Les réseaux de neurones sont reconnus pour leur capacité à modéliser des processus non linéaires de manière parcimonieuse. En effet, les modèles de réseaux neuronaux peuvent être utilisés comme des approximations universelles pour modéliser des procédés complexes tels que l'hémodialyse.

Quatre modèles réseaux de neurones de type feed-forward ont été développée dans le but de la modélisation de l'hémodialyse. Le modèle neuronal optimal du type feedforward "$RN_{optimal}$" caractérisés par une structure (neuf neurones dans la couche d'entrée, douze neurones dans la couche cachée et deux neurones dans la couche de sortie). Il est construit dans le but de prédire l'urée et créatinine pour les patients souffrant d'insuffisance rénale. Une bonne concordance, entre les valeurs expérimentales et les valeurs prédites, pour modèle neuronal optimal a été obtenue (la racine d'erreur quadratique moyenne pour la base de données totale étaient 3.9681 %).

L'analyse de sensibilité par la méthode de "poids" a révélé que les variables les plus importantes qui influent sur urée : **(a)** temps, Na, GB, GR, K, Surface, débit de la pompe, HGB et poids d'entrée, et sur créatinine : **(b)** GB, Na, temps, GR, K, surface, débit de la pompe, HGB et poids d'entrée. Elle montre que les variables les plus pertinentes qui peuvent influer sur l'urée et sur la créatinine possèdent des importances relatifs IR>10 (temps, Na, GB, GR, K, Surface).

Analyse diagnostique des points aberrants et domaine d'applicabilité du modèle neuronal optimisé a montré que le développement du modèle $RN_{optimal}$ et sa prédiction est effectué dans le domaine d'applicabilité. Ce qui conduit à un modèle neural optimal statistiquement valide. Ainsi on peut affirmer qu'il existe des points "Good High Leverage" pour la phase totale.

À la lumière des résultats obtenus, on peut tirer les conclusions suivantes :

- ✓ Les réseaux de neurones sont des outils statistiques puissants pour ajuster des fonctions non linéaires à des ensembles de données, comme toute méthode statistique.
- ✓ Les réseaux de neurones sont des boîtes noires, ce qui signifie que les paramètres du réseau (poids et biais) n'ont pas de signification physique. Les réseaux neuronaux ne développent pas directement de théorie pour décrire le système, mais permettent la modélisation et la simulation de la dialyse.
- ✓ La qualité et la quantité de données disponibles déterminent l'exactitude et la robustesse du modèle de réseau de neurones. Les modèles de réseau de neurones ne sont basés que

sur des données expérimentales et/ou semi-expérimentales, telles que les modèles analytiques, empiriques et numériques.

- ✓ Les réseaux de neurones peuvent être très performants même avec peu de données, à condition que ces dernières soient bien réparties dans le domaine d'entrée du modèle neuronal. Les plans d'expériences, tels que les plans composites centrés, peuvent aider à garantir une bonne répartition des données.
- ✓ Les formules mathématiques dérivées des modèles de réseau de neurones peuvent être utilisées pour la prédiction, l'optimisation et le contrôle de l'hémodialyse.

De ce travail de mémoire ont émergé de nombreuses pistes de recherche qui feront l'objet de futurs travaux.

- ✓ Les perspectives concernent plus particulièrement la modélisation du processus de l'hémodialyse par les équations différentielles ordinaire et fractionnel.
- ✓ Modélisation cinétique de l'hémodialyse, hémofiltration, et hémodiafiltration.
- ✓ Nous pouvons aussi étendre l'idée de ce travail à d'autres méthodes de l'intelligence artificielle (Support vecteur machine, Réseaux de neurones multiples,…).

Références Bibliographiques

Ammi. Y. (2016). "Modélisation des phénomènes de transport des phénomènes de transport lors d'osmose inverse" Thèse de doctorat. Université de Médéa. Médéa. Algérie.

Ammi Y., Khaouane L. et Hanini S. (2015)."Prediction of the rejection of organic compounds (neutral and ionic) by nanofiltration and reverse osmosis membranes using neural networks". Korean Journal of Chemical Engineering. **32** (11) : 2300-2310.

Azizi A. (2011). " Modélisation des phénomènes de transports lors de l'osmose inverse : Application aux molécules inorganiques et organiques en amont et en aval d'une unité de production pharmaceutique" Thèse de Magister. Université de Médéa. Médéa. Algérie.

Benrekia S, Boulanouar D. **(2022)**."Modélisation de l'effet de l'adsorption sur la rétention des produits pharmaceutiques lors de nanofiltration et d'osmose inverse". Mémoire de master. Université de Médéa. Médéa. Algérie.

Bishop C. M. (1995). "Neural networks for pattern recognition." Oxford University Press, New York, USA.

Bourquelot Pierre. (2009). " Abords vasculaires pour hémodialyse " Néphrologie & Thérapeutique (2009) **5 :** 239—248.

Canaud. B. (2009). "Principes et modalités d'application de l'hémodialyse au traitement de l'insuffisance rénale chroniquePhysical principles of renal replacement therapy applied to end stage renal disease patient". Néphrologie & Thérapeutique. **5** (3) : 218-238.

Carpenter G. A. et Grossberg S. (1988). "The ART of adaptive pattern recognition by a self-organizing neural network." Computer **21**(3) : 77-88.

Dames M. (2005). "Gestion de procèdes discontinus : Méthodologie de modélisation et d'optimisation d'opérations de dispersion liquide-liquide en cuve agitée." Thèse de Doctorat, Institut National Polytechnique de Toulouse. Toulouse, France.

Demuth H. et Beale M. (2000). " Neural network toolbox for use with Matlab. User's Guide" version 4. USA, The MathWorks Inc.

Djerroud S. (2021)." étude et simulation du circuit sanguin et thermique du générateur d'hémodialyse FRESENIUS 4008B**"**. Mémoire de master. Université Badji Mokhtar. Annaba. Algérie.

Dictionnaire médical de" l'**Académie de Médecine" – version 2023.**

FILLASTRE J-P. et al. (2009). "l'infermière en néphrologie. 3éme édition :25.

Garson G. D. (1991). "Interpreting neural-network connection weights". Artificial Intelligence Expert. **6** (4) : 46- 51.

Gevrey M., Dimopoulos I. et Lek S. (2003). "Review and comparison of methods to study the contribution of variables in artificial neural network models". EcologicalModelling. **160** (3): 249-264.

Goh A. T. C. (1995). "Back-propagation neural networks for modeling complex systems ". Artificial Intelligence in Engineering. **9** (3): 143-151.

Hassan E-A (2008). "Modeling of hemodialysis operation**"**

Hasan E-A, Sacide A (2010). "Modeling of Hemodialysis Operation **"** Annals **38**(11):3347-62.

Hopfield J. J. (1982). "Neural networks and physical systems with emergent collective computational abilities."Proceedings of the National Academy of Sciences **79**(8): 2554-2558.

Hosseinzadeh M. et Hemmati-Sarapardeh A. (2014). "Toward a predictive model for estimating viscosity of ternary mixtures containing ionic liquids." Journal of Molecular Liquids **200** : 340-348.

Khaouane L. (2013). "Etude et Modélisation de la Biosynthèse des Antibiotiques à partir de Différentes Souches Productrices – Cas de Pleuromutiline". Thèse de doctorat. Université de Médéa. Médéa. Algérie.

Kohonen T. (1982). "Self-organized formation of topologically correct featuremaps," Biologicalcybernetics, **vol. 43**, pp. 59-69, 1982.

Laidi M. (2009). "Approche neuronale pour l'estimation du coefficient de diffusion moléculaire apparent dans un milieu poreux anisotrope "Bois". Mémoire de Magister. Université de Médéa. Médéa. Algérie.

Moody J. et Darken C. J. (1989). "Fast learning in networks of locally-tuned processing units." Neural computation **1**(2): 281 - 294.

Rayane T. (2009). "Optimisation du traitement de l'insuffisance rénale chronique terminale". Urgences Médicales, Spécial Néphrologie dialyse Transplantation rénale : 23-24.

Rosenblatt F. (1958). "The perceptron: a probabilistic model for information storage and organization in the brain," Psychology Review. **65**: 386-1958.

Rouabah Z. (2021). " Techniques de l'Intelligence Artificielle : RNA**"** (ELT 2020/2021).

Sebbane A., A M (2017). " Conception et réalisation d'une application pour la gestion de centre de néphrologie et d'hémodialyse**".** Mémoire de master. Université de Tlemcen. Tlemcen. Algérie.

Sharmela S., Ban-Hock K, Hi-Ming N., Abdul Hali A.G., Zulfitri Azuan M.D., Denise M., et Tilakavati K. (2020). " Understanding Development of Malnutrition in Hemodialysis Patients: A Narrative Review" *Nutrients.* **12**(10), 3147.

Si-Moussa C. (2009). "Modélisation des équilibres de phases a pressions élevées par les réseaux de neurones artificiels". Thèse de doctorat. École nationale supérieure polytechnique. Alger. Algérie.

Stone M. (1977). "An asymptoticequivalence of choice of model by cross-validation and Akaike scriterion." Journal ofthe Royal Statistical Society B **39**(1): 44-47.

Talbi M. L. (2011). "Analyse et traitement du signal électrocardiographique (ECG)." Thèse de Doctorat, Université Mentouri de Constantine. Constantine, Algérie.

Taous Cheurfa, Nouara Kaïd Tlilane, " l'insuffisance rénale chronique Terminale en Algérie : Aspects épidémiologiques et économiques**"**, les cahiers du cread N°112.

https://www.kidney.org/kidney-basics (Consulté le 02/05/2023)

https://www.kidney.org/kidney-basics/about-the-kidneys (Consulté le 01/05/2023)

https://www.kidney.org/kidney-basic) (Consulté le 01/05/2023)

https://www.kidney.org/atoz/content/hemodialysis (Consulté le 01/05/2023)

https://www.kidney.org/atoz/content/kidneyfail (Consulté le 01/05/2023)

https://fondation-du-rein.org// (Consulté le 16/02/2023)

https://www.francerein.org (Consulté le 02/03/2023)

www.academie-medecine.fr (Consulté le 03/03/2023)

www.hopitalpourenfants.com (consulté le 02/03/2023)

www.e-cancer.fr (Consulté le 14/02/2023)

www.hug.ch (Consulté le 14/02/2023)

https://www.fmc-smad.com/content/20-nos-dialyseurs-fx (Consulté le 16/02/2023)

https://www.freseniusmedicalcare.ch/fr (Consulté le 16/02/2023)

https://sofia.medicalistes.fr/spip/IMG/pdf/Les_principes_de_la_dialyse_1_PDF.pdf (Consulté le 03/04/2023)

https://www.aquiladata.fr/insights/intelligence-artificielle-introduction-reseaux-de-neurones/ (Consulté le 15/04/2023)

https://commons.wikimedia.org/wiki/File:Neural_network.svg (Consulté le 15/04/2023)

https://www.chuv.ch/fr/chuv-home (Consulté le 19/02/2023)

https://gisnt.org/pdf/R%C3%A9seau%20neuronaux%20artifitiels.pdf (Consulté le 13/05/2023)