REPUBLIQUE ALGERIENNE DEMOCRATIQUE ET POPULAIRE

MINISTERE DE L'ENSEIGNEMENT SUPERIEUR ET DE LA RECHERCHE SCIENTIFIQUE

UNIVERSITE YAHIA FARES DE MEDEA



Faculté de **T**echnologie

En vue de l'obtention du diplôme de master

Département : Génie des Procédés et Environnement

Filière : Génie des procédés pharmaceutique

Prédiction des affections transmissibles et non transmissibles par intelligence artificielle.
Étude de cas : Prédiction du diabète chez les femmes

Présenté par :

M$^{ell.}$ BENIDIR Kheira

M^{ell}. LAIDI Ichrak

Proposé et dirigé par :

Pr. KHAOUANE Latifa

Co- dirigé par

Pr. HANINI Salah

Dr.IBRIR Abdellah

Dr.ROUBEHI FISSA.M

Promotion : 2022/2023



On remercie ALLAH le tout puissant de nous avoir donné la santé et la volonté d'entamer et de terminer ce mémoire.

Ce travail ne serait pas aussi riche et n'aurait pas pu voir le jour sans l'aide et l'encadrement de Pr KHOUANE Latifa et Pr HANINI Salah, on les remercie pour la qualité de leurs encadrement exceptionnel, pour leur patiences, leurs rigueurs et leurs disponibilités durant notre préparation de ce mémoire.

Nous remercions chaleureusement et sincèrement nos Co-promoteurs Monsieur le Dr Ibrir Abdellah et Dr roubehie fissa Mohammed pour leurs aides précieuses, leurs conseils éclairés, leurs patiences et leurs encouragements qu'ils n'ont cessé de nos prodiguer afin de mener à bien cette tâches

Nos sincères remerciements aux messieurs les membres du jury pour L'honneur qu'ils nous font en participant Au jugement de ce travail.

Nous remercions sincèrement tous les enseignants du département de Génie des Procédés et Environnement de la Faculté de Technologie de l'Université de Médéa.

Nos profonds remerciements vont également à toutes les personnes qui nous aidés et soutenue de près ou de loin.



Dédicaces

Du profond de mon cœur, je dédie ce modeste travail :

A ma chère mère qui a tant sacrifié pour moi et qui a éclairé le chemin de ma vie par son grand soutien et ses encouragements.je la remercie pour tout ce qu'elle m'a fait. Que dieu la préserve et la garde pour moi.

A mon cher père, frère et ma tante qui ont toujours dans mon cœur. Que dieu les gardes dans son vaste paradis.

A mes chers frères, leurs femmes et leurs enfants, Que j'aime profondément

A mon fiancé qui m'a encourager et soutenir tout au long de mes études.

A toute ma famille BENIDIR, BENABDELLAH.

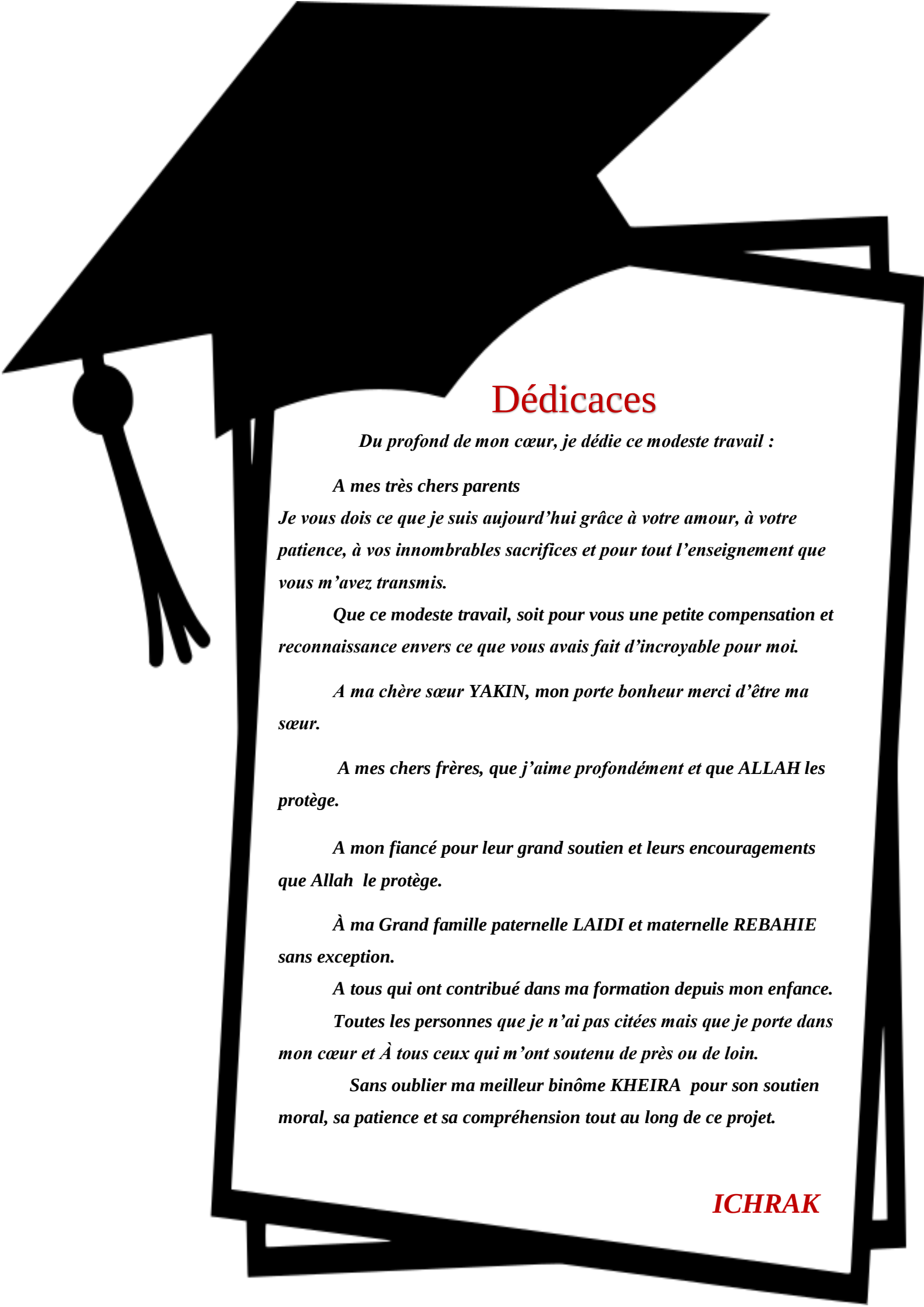
A ma belle-mère et mes belles sœurs pour leur soutien moral que Allah les protèges et leur offre la chance et le bonheur.

A Mes amis et collègues notamment meilleurs copine amani et mimi merci pour les bons moments qui ont contribué à rendre ces années inoubliables.

Sans oublier ma meilleur binôme ichrak pour son soutien moral,

sa patience et sa compréhension tout au long de ce projet.

KHEIRA



Dédicaces

Du profond de mon cœur, je dédie ce modeste travail :

A mes très chers parents

Je vous dois ce que je suis aujourd'hui grâce à votre amour, à votre patience, à vos innombrables sacrifices et pour tout l'enseignement que vous m'avez transmis.

Que ce modeste travail, soit pour vous une petite compensation et reconnaissance envers ce que vous avais fait d'incroyable pour moi.

A ma chère sœur YAKIN, mon porte bonheur merci d'être ma sœur.

A mes chers frères, que j'aime profondément et que ALLAH les protège.

A mon fiancé pour leur grand soutien et leurs encouragements que Allah le protège.

À ma Grand famille paternelle LAIDI et maternelle REBAHIE sans exception.

A tous qui ont contribué dans ma formation depuis mon enfance.

Toutes les personnes que je n'ai pas citées mais que je porte dans mon cœur et À tous ceux qui m'ont soutenu de près ou de loin.

Sans oublier ma meilleur binôme KHEIRA pour son soutien moral, sa patience et sa compréhension tout au long de ce projet.

ICHRAK

ملخص :التنبؤ بالامراض المعدية و الغير المعدية عن طريق الذكاء الاصطناعي.

الهدف من هذا العمل هو التنبؤ بمرض السكري عن طريق الشبكة العصبية الاصطناعية.RNA. تم استخدام النموذج العصبي(PMC-RNA)الذي يتميز ببنية من ثماني خلايا عصبية في طبقة الادخال يتوافق مع معلمات الادخال الثمانية(عدد حالات الحمل,تركيز الجلوكوز في البلازما,ضغط الدم,سمك الجلد,مستوى الانسولين,مؤشر كتلة الجسم,وظيفة شجرةعائلة مرض السكري و السن).طبقة مخفية واحدة من عشرين خلية عصبية و اثنتين في طبقة الاخراج(مريض بالسكري و غير مريض بالسكري).

تم تطبيق خوارزمية التعلم.(BFGS) يتم استخدام وظيفة النقل (الاسي) ,(لوجيستية,) على التوالي للطبقة المخفية و طبقة الاخراج بنسبة 0٪8, ٪ 10, ٪ 10 من مجموعة البيانات للتدريب و الاختبار و التحقق من صحة النموذج. قيم الاداء التي تم الحصول عليها اثناء التنفيذ (84.39, 87.17, 82.05) على التوالي للتعلم, الاختبار و التحقق من الصحة. تظهر هذه النتائج ان النموذج المقترح قادر على التنبؤ بمرض السكري.

الكلمات المفتاحية :التنبؤ ,السكري , الشبكة العصبية الاصطناعية , الاداء.

Résumé : Prédiction des maladies transmissibles et non transmissibles par l'intelligence artificielle.

-L'objectif de ce travail est de prédire la maladie du diabète par réseau de neurone artificiel.

*Un model neuronal de type (PMC_RNA) caractérise par une structure de huit neurone dans la couche d'entrée correspond aux huit paramètres d'entrée (nombre de grossesses, la concentration de plasma glucose, pression artérielle (mm Hg),épaisseur de la peau ,taux d'insuline, l'indice de masse corporelle IMC ,fonction d'arbre généalogique du diabète et l'âge.), une seule couche caché de vingt neurone et deux dans la couche de sortie correspondant a (Diab et non diab).L'algorithme d'apprentissage(BFGS) a été appliqué.la fonction de transfert (Exponential) et (Logistic) sont utilisés respectivement pour la couche caché et la couche de sortie.80 %,10 %,10 % de l'ensemble des données ont été utilisés respectivement pour l'apprentissage, test et validation du modèle. Les valeurs de performance obtenue lors de l'exécution ont été trouvé (84,39 ; 87,17 ; 82,05) pour l'apprentissage, test et validation. Ces résultats montrent que le modèle proposé est capable de prédire la maladie du diabète.

Mots clés : Prédiction, Diabète, Réseaux de neurone artificielle, Performance.

Summary: Prediction of communicable and non-communicable diseases using artificial intelligence.

-The objective of this work is to predict the disease of diabetes by artificial neural network.

*A neural model of type (PMC_RNA) characterized by a structure of eight neurons in the input layer corresponding to the eight input parameters (number of pregnancies, plasma glucose concentration, blood pressure (mm Hg),skin thickness ,insulin level, body mass index BMI ,diabetes family tree function and age) .a single hidden layer of twenty neuron and two in the corresponding output layer a(Diab and no diab) The learning algorithm (BFGS) was applied.the transfer function (Exponential) and (Logistic) were used for the hidden layer and output layer respectively.80 %,10%,10% of the data set were used for training, testing and model validation respectively. The performance values obtained at runtime were found to be (84.39; 87.17; 82.05) for learning, testing and validation. These results show that the proposed model is capable of predicting diabetic disease.

Keywords: Prediction, Diabetes, Artificial neural networks, Performance.

Table de matière

Abréviation iv

Nomenclature et symboles vi

Liste de figures ix

Liste des tableaux xii

Introduction générale 01

Référence bibliographique 03

Chapitre I : Les Maladies infectieuses et les maladies non infectieuses

I.1.Introduction 04

I.2. généralités 04

I.2.1 Infection 04

I.2.2 Transmission 04

I.2.2.1 types de transmission 04

I.3 les maladies infectieuses : 04

I.3.1 définition 04

I.3.2 Symptômes des maladies infectieuses 05

I.3.3 Les maladies infectieuses 05

I.3.3.1.Maladies virales 06

I.3.3.1.1. La varicelle 06

I.3.3.1.2. Arbovirus 07

I.3.3.1.3. Sida 07

I.3.3.1.4. Rougeole 08

I.3.3.1.5. Les Oreillons 09

I.3.3.2. Maladies Bactériennes 10

I.3.3.2.1. l'angine streptococcique 10

I.3.3.2.2. Tuberculose 11

***I.3.3.2.3.* Choléra** 12

I.3.3.2.4.La lèpre 13

I.3.3.3. MALADIES PARASITAIRES 13

I.3.3.3.1. Le paludisme 13

I.3.3.3.2. La microsporidiose 14

I.3.3.3.3. La toxoplasmose 14

I.3.4 la détection des maladies infectieuses 15

I.3.4.1 Les tests de réaction de polymérisation en chaîne après transcription inverse en temps réel (RT-PCR en temps réel) 15

I.3.4.2 Les techniques d'imagerie médicale (la radiologie) 16

I.3.5 Les traitements des maladies infectieuses 16

I.3.5.1 Le traitement préventif 16

I.3.5.2 Le traitement curatif 16

I.4 les maladies non transmissibles 16

I.4.1 définition 16

I.4.2 Facteurs de risque 16

I.4.2.1 Tabagisme 16

I.4.2.2 Usage nocif de l'alcool 17

I.4.2.3 Inactivité physique 17

I.4.2.4 Malnutrition et mauvaise alimentation 17

I.4.2.5 Risques environnementaux 17

I.4.3 Maladie cardiovasculaire 18

I.4.4 diabète 18

I.4.4.1. Aspects clinique 18

I.4.4.2. Facteurs de risque 19

a) **Facteurs de risque non modifiables** 19

b) Facteurs de risque modifiables 19

I.4.5 les maladies respiratoires 20
I.4.6 le cancer 20
I.4.7 les troubles mentales 20
I.4.8 La prévention des MNT 20
I.5 Conclusion 21
Référence bibliographique 22

Chapitre II : Les réseaux de neurones

II.1. Introduction 24
II.2. Historique 24
II.3. Notions de base sur les réseaux de neurones 25
II.3.1. Du neurone biologique au modèle mathématique 25
II.3.1.1. Le modèle neurophysiologique 25
II.3.1.2.modèle mathématique 26
II.3.2.Architecture des réseaux de neurones 28
II.3.2.1.Réseau de neurones non bouclé(en Anglais feedforward) 29
II.3.2.2.Réseau de neurones bouclé (ou récurrent) 30
II.3.3.Les types d'apprentissage des réseaux de neurones 30
II.3.3.1.L'apprentissage supervisé 30
II.3.3.2 Apprentissage non supervisé 31
II.4.Les réseaux de neurones les plus utilisés 32
II.4.1. Le perceptron mono-couche (Perceptron simple) 32
II.4.2.Le perceptron multicouche (en anglais Multi Layer Perceptron) 32
II.4.3 Les réseaux à fonction radiale 33
II.4.4 Les cartes auto-organisatrices de Kohonen (SOM) 33
II.4.5. Les réseaux de Hopfield 33
II.4.6. Les réseaux ART 34
II.5. Conception d'un modèle neuronal 34
II.5.1.Détermination des entrées/sorties du réseau de neurones 34

II.5.2. Construction de la base de données et choix des échantillons 35

II.5.3. Définition de la structure du réseau 35

***II.5.3.1. Nombre de couches cachées* 36**

***II.5.3.2. Nombre de neurones cachés* 36**

II.5.4. Apprentissage 36

II.5.5. Evaluation des performances du réseau de neurones 40

II.6.Application des réseaux de neurones en bioprocédés 40

II.6.1.Modélisation et prédiction 40

II.6.2.Capteurs logiciels (en anglais soft sensors) 41

II.6.3.Reconnaissance des formes (en anglais pattern recognition) 42

II.6.4.Optimisation 42

II.6.5.Contrôle 42

II.7. Conclusion 43

Référence bibliographique 44

Chapitre III : Prédiction neuronale du diabète

III.1. Introduction 49

III.2. Matériels et méthodes 49

III.2.1. Outilles informatique utilisée 49

III.2.2. Méthodologie de la modélisation neuronale 51

***III.2.2.1. Collecte de la base de données* 52**

***III.2.2.2. Division de la base de données* 54**

***III.2.2.3. Optimisation des architectures des RNA* 55**

***III.2.2.4. Choix du meilleur modèle* 57**

***III.2.2.5. Paramètres de performance des modèles de RNA* 57**

***III.2.2.6. Critères de performances statistiques (Analyse et évaluation d'un modèle)* 58**

***III.2.2.7. Analyse de sensibilité* 59**

III.2.3. Fonction d'activation 60

III.3. Résultat et Discussion 61

III.3.1. Architectures des modèles neuronaux obtenus 61

III.3.2 Architectures du meilleur modèle 63

III.3.3. Estimation des paramètres du meilleur modèle de RNA obtenu 65

III.3.4. Etude statistiques et l'estimation des critères de performances statistiques (Analyse et évaluation d'un modèle) 66

III.3.5. Estimation de la contribution des entrées sur les sorties (analyse de sensibilité) 66

III.3.6.Application des expressions mathématiques des modèles RNA 69

III.3.7. Comparaison du modèle obtenu avec d'autres modèle 69

III.4.Conclusion 72

Référence bibliographique 73

Conclusion générale 75

Annexe

Abréviation

MNT : Maladie non transmissible

BK : **B**acille de **K**och

LAT : **L**utte **A**nti**t**uberculeuse

VIH : **V**irus de l'**i**mmunodéficience **h**umaine

SIDA : **S**yndrome **d'**immuno**d**éficience **a**cquise

RT-PCR : **R**éaction de **p**olymérisation en chaîne après transcription inverse

MCV : **M**aladie-**c**ardio **v**asculaire

DT2 : **D**iabète du **t**ype **2**

ATCD : **A**n**t**é**c**é**d**ent

BPCO : **B**roncho **p**neumopathie **c**hronique **o**bstructive

ART : **A**daptive **R**esonance **T**heory

RBF: Les **r**éseaux à **f**onctions de **b**ases **r**adiales

PMC: **P**erceptron **M**ulti**c**och

RNA: **R**éseaux de **N**eurones **A**rtificiel

BFGS: **B**royden **F**letcher **G**oldfarb **S**hanno

RN: **R**éseaux de **N**eurones

SOS: **S**omme de carrées

MLP: **M**ulti **l**ayer **P**erceptron

MSE :L' **e**rreur quadratique moyenne

RMSE : La **R**acine de l'erreur quadratique moyenne

NRMSE : L'**e**rreur quadratique moyenne normalisée

MAE : **L**'**e**rreur moyenne absolue

RNAO : **R**éseaux de **N**eurones **A**rtificiel **O**ptimisé

SVM : **S**upport **V**ector **M**achine

Nomenclature et symboles

Lecture	Désignation	Unité
b	Biais d'un neurone artificiel	(-)
Bf	Facteur de biais	(-)
Ei	i ème entrée du modèle	(-)
Ep	Epaisseur de peau	mm
f	Fonction d'activation	(-)
IMC	Indice de masse corporelle	(poids en kg/ (taille en mètres)2)
Iter	Nombre d'itération actuel	(-)
L	Nombre de couche caché	(-)
N	Nombre de neurone	(-)
Pa	Pression artérielle	(Mm Hg)
S	Sortie de la couche de sortie	(-)
w	Poids synaptique des connexions interneuronales	(-)
Xi	Position actuelle de la ième particule	(-)
Zj	j ème sortie de la couche cachée	(-)
Ws	les poids de connexion	(-)

Exposants

Lecture	Désignation
cal	Calculée
exp	Expérimentale
H	Cachée(Hidden)
I	Entrée(Input)
O	Sortie(Output)

Indices

Lecture	Désignation
i	Elément i d'un vecteur
ij	Croisement de la ligne i avec la colonne j d'une matrice
j	Elément j d'un vecteur

Chapitre I : Les Maladies infectieuses et les maladies non infectieuses		
Figure I.1	les maladies infectieuses	**5**
Figure I.2	schéma d'un virus varicellezona	**6**
Figure I.3	illustration de la rougeole	**9**
Figure I.4	image représentant la maladie d'oreillon	**10**
Figure I.5	Une angine streptococcique chez l'enfant.	**11**
Figure I.6	Tuberculose pulmonaire	**12**
Figure I.7	Vibrions du choléra à l'examen direct	**12**
Figure I.8	Très nombreux bacilles lépreux	**13**
Figure I.9	Anophèles	**14**
Figure I.10	Cycle de la toxoplasmose	**15**

Chapitre II : les réseaux de neurones		
Figure II.1	Schéma d'un neurone	**26**
Figure II.2	Schéma d'une synapse	**26**
Figure II.3	Neurone formel	**27**
Figure II.4	Réseaux de neurones les plus utilisés	**29**

Figure II.5	Structure d'un réseau de neurones non bouclé	**29**
Figure II.6	Un réseau de neurones bouclé à deux entrées	**30**
Figure II.7	Apprentissage supervisé	**31**
Figure II.8	Apprentissage non supervisé	**32**
Figure II.9	Architecture d'un réseau multicouche	**33**

Chapitre III : Prédiction neuronale du diabète		
Figure III.1	Organigramme de la méthodologie de développement suivie dans ce travail.	**52**
Figure III.2	Représentation de la division de la base.	**55**
Figure III.3	Capture d'écran pour le choix des fonctions d'activation sur STATISTICA.	**56**
Figure III.4	Capture d'écran pour le choix de nombre de couches cachés.	**57**
Figure III.5	Représentation graphique des trois divisions.	**63**
Figure III.6	représentation de la division de la base du meilleure modèle	**64**
Figure III.7	Représentation de l'architecture du modèle obtenue	**64**
Figure III.8	Capture d'écran de la matrice de confusion du meilleur modèle	**65**
Figure III.9	L'impact des entrées sur les deux sorties	**68**
Figure III.10	Comparaison de paramètre F-Mesure	**70**
Figure III.11	Comparaison de paramètre Performance	**70**

Figure III.12	Comparaison de paramètre Rappel	**71**
Figure III.13	Comparaison de paramètre Précision	**71**

Chapitre I : Les Maladies infectieuses et les maladies non infectieuses

Tableau I.1	Tableau des maladies infectieuses	**6**

Chapitre II : Les réseaux de neurones

Tableau II.1	Fonctions de transfert usuelles, *a=f(n)*	**27**
Tableau II.2	Résumé des caractéristiques des algorithmes d'apprentissage de rétro-propagationimplantés dans MATLAB®	**38**

Chapitre III : Prédiction neuronale du diabète

Tableau III.1	Les logiciels utilisés dans notre travail	**50**
Tableau III.2	Partie de 17 points de la base des données utilisées dans ce travail	**54**
Tableau III.3	Tableau représentent la matrice de confusion	**58**
Tableau III.4	Fonction d'activation	**60**
Tableau III.5	Les résultats de l'optimisation des architectures des RNA	**61**
Tableau III.6	Tableau représentant le meilleur modèle	**63**
Tableau III.7	Tableau représentant les paramètres de performance du meilleur modèle	**65**
Tableau III.8	Tableau représentant les critères de performances statistiques	**66**
Tableau III.9	Poids et biais du meilleur modèle	**67**

Introduction générale

Les maladies chroniques non transmissibles (MNT) représentent près de 60 % de la mortalité mondiale et 80 % des décès dus aux MNT surviennent dans les pays à revenu faible ou intermédiaire. un quart de ces décès — près de 9 millions en 2005 — concernent des hommes et des femmes âgés de moins de 60 ans. ensemble, les MNT représentent à l'échelle mondiale la principale cause de mortalité chez les personnes en âge de travailler, et leur incidence chez les jeunes adultes est nettement plus élevée dans les pays pauvres du monde que dans les pays riches. les principales causes de mortalité attribuable aux MNT sont les maladies cardiovasculaires (30 % de la mortalité mondiale totale), les cancers (13 %), les maladies respiratoires chroniques (7 %) et le diabète (2 %). ces conditions partagent un petit nombre de facteurs de risque comportementaux, notamment une alimentation riche en graisses saturées et pauvre en fruits et légumes frais, l'inactivité physique, le tabagisme et l'excès d'alcool. dans les pays à revenu faible ou intermédiaire, ces facteurs de risque ont tendance à se concentrer dans les zones urbaines et leur prévalence augmente en raison de l'urbanisation rapide et de la mondialisation croissante des industries de l'alimentation, du tabac et de l'alcool (Unwin & Alberti, 2006).

Une maladie infectieuse ou transmissible peut être définie comme une maladie causée par un autre agent vivant, ou ses produits, qui peuvent se transmettre d'une personne à une autre. une situation d'urgence peut être définie comme un état de désarroi qui s'est produit pendant ou après un conflit régional ou une catastrophe naturelle (une inondation, un tremblement de terre, un ouragan, une sécheresse) (Ameli, 2015).

Les maladies infectieuses pendant une situation d'urgence peuvent augmenter le taux de mortalité 60 fois par rapport à d'autres causes, y compris les traumatismes.plus de 40 % des décès dans des conditions d'urgence sont secondaires à une maladie diarrhéique, 80 % d'entre eux impliquant des enfants de moins de 2 ans (Ameli, 2015).

Le but de ce travail est donc de développer un modèle neuronale afin de prédire la présence du diabète chez la femme, on se base sur huit paramètres pertinents (nombre de grossesses, la concentration de plasma glucose, pression artérielle (mm Hg), épaisseur de la peau, taux d'insuline, l'indice de masse corporelle IMC, fonction d'arbre généalogique du diabète et l'âge.).

La présente étude est composée de deux parties l'une est théorique et l'autre pratique, concernant la partie théorique comprend deux chapitre le premier rassemble toutes les données à propos les maladies transmissibles et non transmissibles. le seconde chapitre est consacré aux réseaux de neurones artificiels de type PMC. le dernier chapitre présente la méthodologie de la modélisation neuronale adopté dans notre travail pour prédire la présence de la maladie du diabète chez les femmes à partir des huit neurones entrées.

Le mémoire se termine par une conclusion générale qui récapitule les résultats obtenu et des perspectives qui peuvent être envisagées dans le futur.

Bibliographie

- Ameli, J. (2015). Communicable diseases and outbreak control. *Turkish Journal of Emergency Medicine*.
- Unwin, N., & Alberti, K. G. M. M. (2006). Chronic non-communicable diseases. *Annals of Tropical Medicine and Parasitology*.

ChapitreI

Les maladies infectieuses et non infectieuses

I.1. Introduction

Pendant longtemps, les maladies non transmissibles(MNT) ont été considérées comme un fardeau pour le monde développé. des données alarmantes récentes montrent une tendance inverse et une augmentation spectaculaire des MNT dans le monde en développement, en particulier dans les pays en transition très peuplés. cela est vrai pour les principales maladies déclenchant la mortalité telles que les maladies cardiovasculaires, le cancer ou le diabète.

De nombreuses maladies infectieuses, qu'elles soient d'origine virale, bactérienne ou parasitaire, ont toujours accompagné l'humanité. en raison des conflits, des mouvements de population à grande échelle, des catastrophes environnementales et climatiques, le monde continue de lutter contre ces maladies et d'essayer d'arrêter sa propagation.

I.2. Généralités

I.2.1. Infection

L'infection est l'ensemble des troubles provoqués par la pénétration et le développement de micro-organismes pathogènes dans le corps humain. on parlera donc, suivant le germe en cause, de maladie bactérienne de maladies virale (ou virose) ou de mycose (maladie à champignons) (Claude-Bernard 1978).

I.2.2. Transmission

Le passage de l'agent infectieux d'un hôte au suivant définit la transmission(Joly et al., 2003) .

I.2.2.1. Types de transmission (Joly et al., 2003)

- ✓ Transmission respiratoire;
- ✓ Transmission salivaire ;
- ✓ Transmission cutanée ;
- ✓ Transmission sexuelle ;
- ✓ Transmission hématogène.

I.3. Les maladies infectieuses

I.3.1.Définition

Les maladies infectieuses résultent de la pénétration d'un micro-organisme pathogène (bactérie, virus ou champignon) dans le corps humain (d'autre micro-organisme, dis

saprophytes, vivent en harmonie avec l'organisme). l'infection peut atteindre tous les appareils (individuellement, par groupe ou dans leur ensemble) et, de ce fait, le domaine des maladies infectieuses chevauche celui de nombreuses autres spécialités médicales (Claude-Bernard 1978).

Les maladies infectieuses ont pour origine des agents pathogènes qui peuvent se transmettre de l'homme à l'homme, d'un animal à un autre, ou d'un animal à un être humain. elles peuvent aussi être transmises par des vecteurs, qui sont des organismes vivants (par exemle des insectes) capables de véhiculer et de propager les agents pathogènes(Jawerth, 2020) .

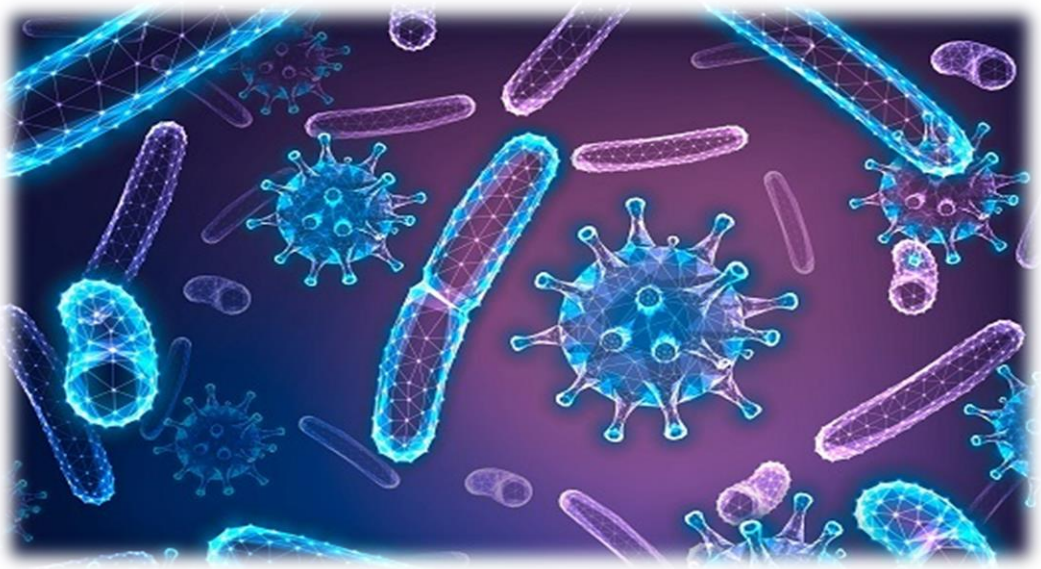


Figure I.1. Les maladies infectieuses (ABA et al., 2022).

I.3.2. Symptômes des maladies infectieuses

Les signes cliniques se diffèrent d'une infection à d'autre.

La fièvre est le signe clinique le plus évident de toute infection, c'est une réaction coordonnée de tout l'organisme, témoin de la lutte contre l'invasion de micro-organisme (Claude-Bernard 1978).

I.3.3. Les maladies infectieuses :

Ils sont classés selon le micro-organisme en cause.

Tableau I.1. Tableau des maladies infectieuses.

MALADIES VIRALES	MALADIES BACTERIENNES	MALADIES PARASITAIRES
La varicelle	Tuberculose	Paludisme
Arboviroses	Choléra	Microsporidioses
SIDA	Lèpre	Toxoplasmose

I.3.3.1. Maladies virales

I.3.3.1.1. La varicelle (Saura, 1979)

La varicelle est une maladie causée par le virus varicellezona. un virus est une sorte de germe qui peut rendre les gens malades, quand une personne attrape la varicelle, une éruption ou des taches qui démangent apparaissent sur sa peau. les taches deviennent de petites cloques d'eau. Certaines personnes n'ont quelques cloques. d'autres peuvent en avoir jusqu'à 500. Ces cloques sèchent et forment des gales au bout de quatre ou cinq jours.

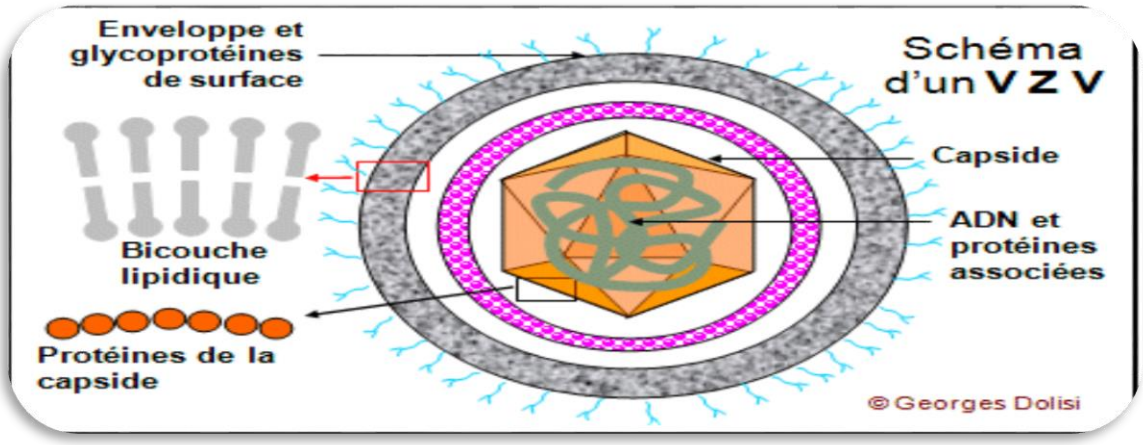


Figure I.2. Schéma d'un virus varicellezona (Sahnoune asma, 2015).

La varicelle se répand très vite :

- Elle se répand par le contact direct entre deux personnes. une personne peut attraper la varicelle si elle touche à une cloque ou au liquide qui s'écoule d'une cloque ;
- La maladie peut aussi se répandre par l'air. si une personne qui a la varicelle éternue ou tousse, elle peut infecter quelqu'un de son entourage ;
- Une femme enceinte qui a la varicelle peut donner la maladie à son bébé pendant qu'il est encore dans son ventre ;
- Les mères qui ont la varicelle peuvent aussi donner la maladie à leur nouveau-né après leur naissance.

I.3.3.1.2. Arbovirus (*Figueiredo* et al., 2017)

Les arbovirus sont des maladies causées par les soi-disant arbovirus, qui comprennent le virus de la dengue, le virus Zika, la fièvre chikungunya et la fièvre jaune.la classification (arbovirus) englobe tous ceux transmis par les arthropodes. c'est-à-dire les insectes et les arachnides (comme les araignées et les tiques). il existe 545 espèces d'arbovirus, dont 150 provoquent des maladies chez l'homme. bien que la classification des arbovirus soit utilisée pour classer différents types de virus, tels que Mayaro, la méningite et l'encéphalite virale.

I.3.3.1.3. Sida (Ph.*Henrivaux* et al., 1983)

Le syndrome d'immunodéficience acquise (sida) a été décrit pour la première fois en 1979 aux Etats-Unis. depuis lors, des groupes à haut risque nt été définis : les homo sexuels ou bisexuels masculins (17%), les drogués (hommes ou femmes) utilisant la voie intraveineuse (17%), les hémophiles (1%) ainsi que les Haïtiens (6%). Le reste (5%) est constitué par les partenaires sexuels de personnes souffrant de SIDA ou appartenant à des groupes à risque et des patients ayant reçu des dérivés sanguins. plus de 90% des malades sont des hommes.

Le SIDA se définit par la survenue, chez des patients âgés de moins de 60 ans, antérieurement bien portants et n'ayant aucune autre cause d'immunodéficience, soit d'un sarcome de kaposi(25%), soit d'une succession d'infections opportunistes grave(65%), ou encore de la conjonction des deux phénomènes (10%). la période d'incubation semble longue (de quelques mois à 3ans). la mortalité globale est de 40%. la présence de l'allèle HLA DR. Serait un facteur prédisposant.

On distingue d'abord une phase prodromale caractérisée par de la température intermittente ou continue, des transpirations nocturnes, une perte de poids importante, une poly-adénopathie, de l'asthénie et une diarrhée chronique. l'examen histologique des ganglions montre une hyperplasie des centres germinatifs.

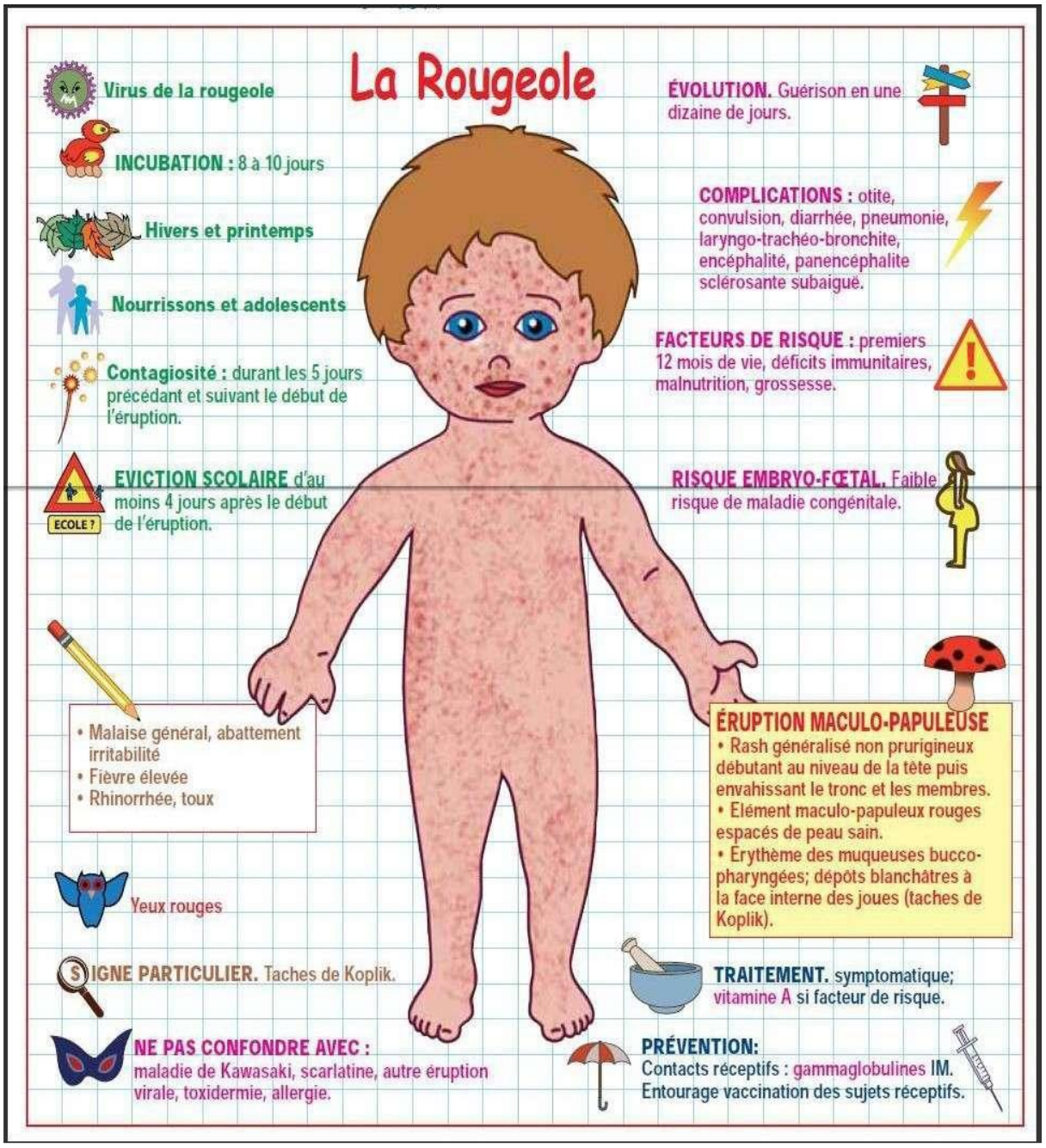
I.3.3.1.4. Rougeole (Sahnoune asma, 2015)

La rougeole (également appelée 1re maladie) est une infection virale éruptive aiguë, elle atteint essentiellement les enfants à partir de l'âge de 5-6 mois.

Le nom de « première maladie » provient du fait qu'à l'époque où l'on a voulu établir une liste des maladies provoquant un exanthème infantile, elle a été la première à être énumérée.

Le virus de la rougeole est un Morbillivirus de la famille des *Paramyxoviridae*. il appartient à la même famille que le virus des oreillons. c'est un virus dont l'unique réservoir est l'homme atteint de l'infection, même asymptomatique.

La vaccination contre la rougeole, recommandée pour les enfants autour d'un an, vise surtout à éviter les complications de l'infection, comme les encéphalites, qui peuvent avoir des séquelles importantes voire létales.



FigureI.3. Illustration de la rougeole (Sahnoune asma, 2015).

I.3.3.1.5. Oreillons (Sahnoune asma, 2015)

Il s'agit probablement des oreillons. C'est une infection causée par le virus des oreillons. elle touche surtout les glandes parotides: ce sont des glandes fabriquant la salive et situées dans les joues devant les oreilles. la transmission de l'infection s'effectue lors d'éternuements ou par des postillons, les gouttelettes de salive contenant une multitude de virus. La maladie est contagieuse un à deux jours avant le début de la fièvre jusqu'à la fin de la tuméfaction des joues. c'est une maladie bénigne chez l'enfant qui guérit d'elle-même les oreillons sont plus graves chez l'adulte.



FigureI.4. Image représentant la maladie d'oreillon(Sahnoune asma, 2015).

I.3.3.2.Maladies Bactériennes

I.3.3.2.1. l'angine streptococcique (Sahnoune asma, 2015)

L'angine streptococcique ou infection streptococcique de la gorge est une infection causée par une bactérie (un microbe), le streptocoque du groupe A est plus courante chez les enfants que chez les adultes.

Les enfants qui ont une angine streptococcique souffrent des symptômes suivants :

*De gros maux de gorge ;

*De la difficulté à avaler ;

*Des ganglions enflés et sensibles dans le cou ;

*De la fièvre.

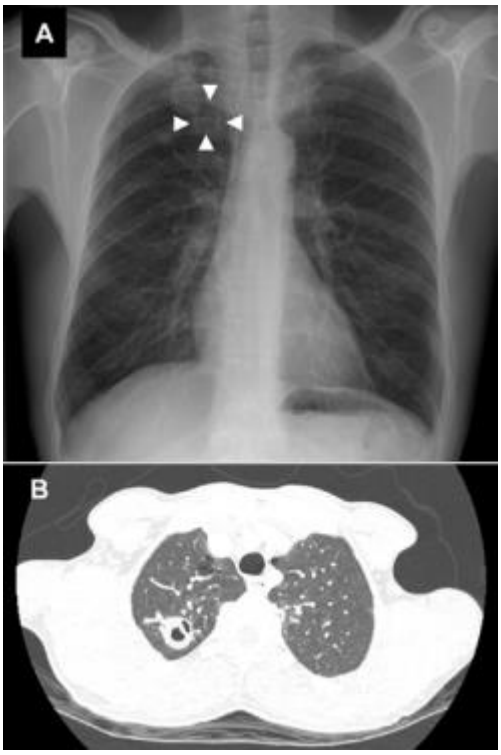


Figure I.5. Une angine streptococcique chez l'enfant (Sahnoune asma, 2015).

I.3.3.2.2. Tuberculose

La tuberculose est une maladie infectieuse transmissible provoquée par *Mycobacterium tuberculosis* (bacille de Koch ou BK))(M. Mjid a et al., 2015) . il s'agit encore d'un problème de santé publique majeur dans le monde malgré les nombreuses stratégies de lutte antituberculeuse (LAT). le diagnostic est évoqué devant des données cliniques, et radiologiques, mais la confirmation n'est que bactériologique parfois histologique sans que cette dernière ne soit spécifique. les techniques mises à la disposition du clinicien ces dix dernières années sont en train de modifier radicalement l'approche diagnostique de la tuberculose.

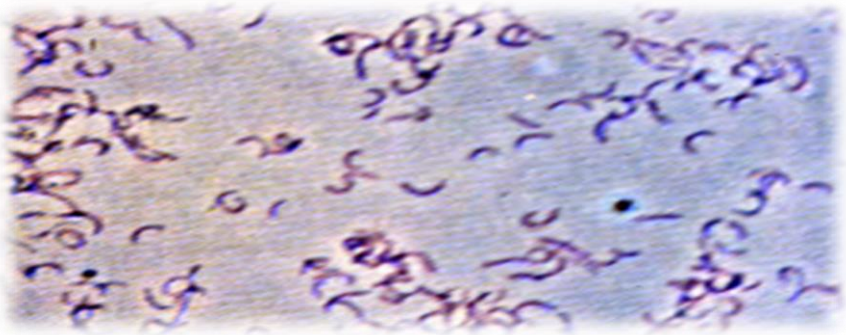
La tuberculose est responsable de 1,5 millions de mort dans le monde dont 95 % relèvent des pays à revenu faible et intermédiaire (H. Jabri, N. Lakhdar, W. El Khattabi, 2016).



FigureI.6. Tuberculose pulmonaire.(ABA et al., 2022).

I.3.3.2.3. Choléra

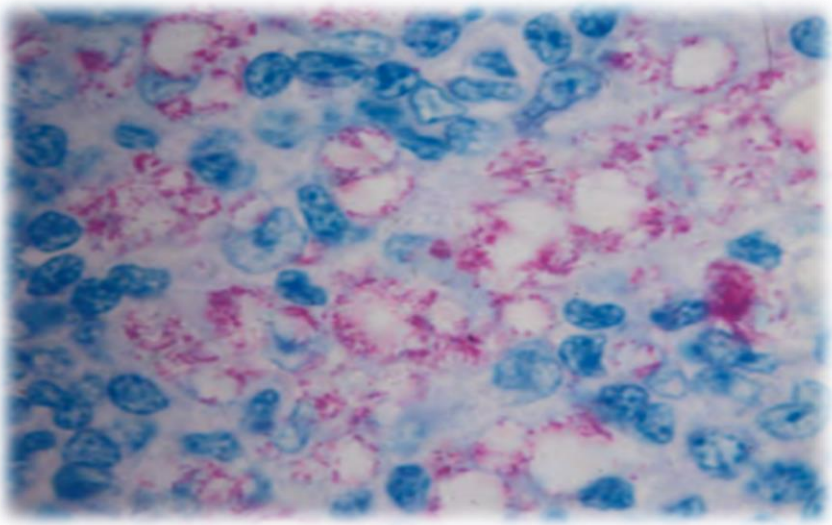
Le choléra est une maladie infectieuse diarrhéique très contagieuse et strictement humaine. elle est due à Vibrio cholerae, un bacille à Gram négatif transmis par voie orale, présent à l'état saprophyte dans l'eau des estuaires et parasite du zooplancton .le choléra est une des maladies de la misère, de la malnutrition et de la surpopulation qui entraînent une forte mortalité. On retrouve sa trace dans des textes sanscrits datant de 2 500 ans(Berche, 1998). le traitement repose sur la réhydratation qui doit être instituée le plus rapidement possible pour compenser les pertes hydriques. elle se fait par voie orale lorsque le malade est en mesure de boire et par voie parentérale dans les autres cas(ABA et al., 2022).



FigureI.7. Vibrions du choléra à l'examen direct(ABA et al., 2022).

I.3.3.2.4.La lèpre (ABA et al., 2022)

La lèpre est une infection chronique invalidante, connue depuis l'antiquité et due à Mycobacterium leprae, germe non cultivable in vitro, à multiplication lente et à tropisme cutané et nerveux périphérique. L'atteinte nerveuse est source de séquelles mutilantes et de stigmatisation. Aujourd'hui limitée aux pays tropicaux pauvres, la lèpre est curable par une antibiothérapie spécifique de 6 à 12 mois, accessible et gratuite partout. Pendant 40 ans, on a classé les lèpres en deux grandes formes « polaires » (classification de Ridley et Jopling) : tuberculoïde et lépromateuse de fréquences similaires.



FigureI.8. Très nombreux bacilles lépreux(ABA et al., 2022).

I.3.3.3. Maladies parasitaires

I.3.3.3.1. Le paludisme

Le paludisme ou malaria est une infection des érythrocytes due à un hématozoaire du genre Plasmodium transmis par un moustique femelle du genre Anophèles. Le paludisme est une des premières causes de morbi-mortalité chez les patients VIH et ce d'autant que le déficit immunitaire est important. En zone de transmission stable du paludisme, les accès sont plus fréquents avec des parasitémies plus élevées. En zone de transmission instable, les accès sont plus sévères et les parasitémies plus fréquemment positives. Par ailleurs, la charge virale plasmatique VIH (E. Casalino, 2004).



Figure I.9. Anophèles (ABA et al., 2022).

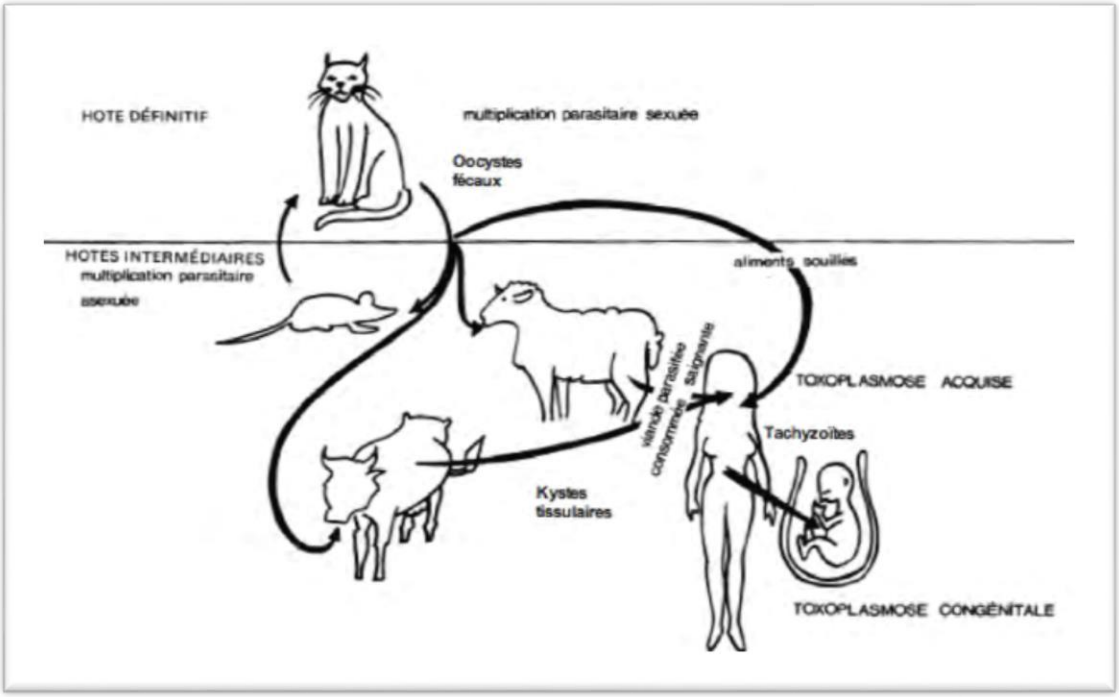
I.3.3.3.2. La microsporidiose

La microsporidiose est récemment apparue comme une cause importante de morbidité chez les patients immunodéprimés, et en particulier chez les patients atteints du syndrome d'immunodéficience acquise(SIDA). la microsporidiose est et restera une maladie infectieuse opportuniste majeure provoquant une malnutrition invalidante incontrôlable chez les patients atteints du SIDA a moins qu'un traitement efficace ne soit trouvé, un défi majeur pour la science médicale.(Derouin F et al., 1994).

I.3.3.3.3. La toxoplasmose

La toxoplasmose est une zoonose cosmopolite qui peut toucher tous les mammifères et les oiseaux contaminés par voie orale, par absorption d'oocystes sporulés contenus dans les déjections de félidés, notamment des jeunes chats contaminant l'eau, les fruits ou les légumes plus généralement par absorption de bradyzoites (kystes) contenus dans la viande (muscles) provenant d'animaux contaminés (moutons, chèvres….) et non détruits par une cuisson insuffisante (ABA et al., 2022).

L'infection en cours de la grossesse peut provoquer une infection congénitale dont la manifestation clinique la plus fréquente est la choriorétinite. elle est dépistée dès la naissance ou plus tard avant 10 ans dans 95% des cas (Marie-Hélène Bessières a et al., 2008).



FigureI.10.Cycle de la toxoplasmose(ABA et al., 2022).

I.3.4. La détection des maladies infectieuses (Jawerth, 2020)

Il est essentiel de pouvoir détecter les maladies au plus tôt pour freiner la propagation des infections, Les techniques nucléaires et dérivées du nucléaire sont des outils fiables qui peuvent être mis à profit pour étudier, prévenir, détecter et enrayer les épidémies de maladies animales et de zoonoses.

I.3.4.1. Les tests de réaction de polymérisation en chaîne après transcription inverse en temps réel (RT-PCR en temps réel)

La RT-PCR en temps réel est une technique dérivée du nucléaire qui permet de détecter la présence de matériel génétique propre à un agent pathogène, notamment un virus. Initialement, le matériel génétique cible était détecté au moyen de marqueurs isotopiques radioactifs, mais la méthode a ensuite été perfectionnée et d'autres types de marqueurs, le plus souvent des colorants fluorescents, remplacent aujourd'hui les isotopes. Avec cette technique, les scientifiques peuvent visualiser les résultats de façon presque immédiate, avant que le processus soit terminé, tandis que la RT-PCR classique ne livre ses résultats que tout à la fin.

I.3.4.2. Les techniques d'imagerie médicale (la radiologie)

L'imagerie diagnostique permet de scruter l'organisme de l'intérieur, déclare Olivier Pellet, radiologue à l'AIEA. Grâce à cette technique, nous avons pu détecter des complications liées à la maladie, telles que l'apparition de lésions, d'une pneumonie ou de caillots sanguins dans les poumons (COVID-19).

I.3.5. Les traitements des maladies infectieuses (Claude-Bernard 1978)

I.3.5.1. Le traitement préventif

Il repose surtout sur la vaccination.

I.3.5.2. Le traitement curatif

Il est très différent selon le mode d'infection, bactérien ou viral. dans le premier cas, les sulfamides et les antibiotiques sont des armes irremplaçables mais de maniement difficile. (dans les mycoses, certains antibiotiques spécifiques sont également actifs). dans le second, aucune thérapeutique antivirale majeure n'a actuellement fait ses preuves .cependant, de nombreux travaux permettent d'espérer pour demain des médicaments antiviraux actifs, spécifiques ou non, tels ceux mis au point aujourd'hui contre certaines encéphalites à virus, comme l'encéphalite herpétique.

I.4. Les maladies non transmissibles

I.4.1. Définition

Une maladie est dite MNT si elle n'est pas le résultat d'une affection par un micro-organisme.

Les MNT englobent un large éventail de conditions, y compris les maladies cardiovasculaires, le diabète, cancers, maladies respiratoires chroniques, problèmes de santé mentale et musculo-troubles squelettiques (Unwin & Alberti, 2006) .

I.4.2. Facteurs de risque(WHO, 2020)

I.4.2.1. Tabagisme

Le tabac est l'une des principales causes de mortalité prématurée, responsable de la mort de plus de huit millions de personnes par an dans le monde ; sept millions de décès sont dus à la consommation directe de tabac et 1,2 million au tabagisme passif, Le tabagisme augmente le risque de développer plusieurs maladies non transmissibles, telles que les maladies

cardiovasculaires, les maladies respiratoires chroniques, le diabète et le cancer.

I.4.2.2. Usage nocif de l'alcool

L'usage nocif de l'alcool a des effets néfastes sur la santé physique et mentale et constitue l'un des principaux facteurs de risque de morbidité, d'incapacités et de mortalité dans le monde. Il est lié à plus de 200 codes de maladies et de traumatismes répertoriés dans la Classification internationale des maladies, notamment des maladies non transmissibles telles que le cancer, les accidents vasculaires cérébraux et l'hypertension.

I.4.2.3. Inactivité physique

L'inactivité physique est l'un des principaux facteurs de risque favorisant l'apparition de maladies non transmissibles, tandis qu'une activité physique régulière contribue à prévenir les facteurs de risque tels que l'hypertension, le surpoids et l'obésité, protège contre les MNT et joue un rôle important dans l'amélioration de la santé mentale.

I.4.2.4. Malnutrition et mauvaise alimentation

À l'échelle mondiale, la malnutrition sous toutes ses formes (notamment la dénutrition, la carence en micronutriments, le surpoids et l'obésité) est une cause majeure de morbidité et de mortalité due à des MNT. La malnutrition tout au long de la vie accroît le risque de MNT: la dénutrition et l'obésité chez l'enfant sont toutes deux associées à une probabilité accrue d'obésité et d'apparition de MNT à l'âge adulte.

Une mauvaise alimentation, notamment trop salée ou trop sucrée, ne comportant que peu de fruits et de légumes, de noix et de graines, de céréales complètes et d'acides gras oméga 3 provenant de poissons et de fruits de mer, provoque l'apparition de MNT.

Une bonne nutrition renforce le système immunitaire. Par exemple, les fruits et légumes fournissent des vitamines et des minéraux, et les graisses bénéfiques à la santé contenues dans les olives ou les graines sont riches en acides gras insaturés, qui sont nécessaires au bon fonctionnement de la réponse immunitaire.

I.4.2.5. Risques environnementaux

La pollution de l'air à l'intérieur des habitations et à l'extérieur est une cause majeure de mortalité pour les personnes atteintes de MNT. L'exposition à la pollution de l'air en général et à des niveaux élevés de particules en particulier a été associée principalement à l'apparition de cancers du poumon, de bronchopneumopathies chroniques obstructives et de maladies

cardiovasculaires.

I.4.3. Maladie cardiovasculaire (Jamison et al., 2006)

Les maladies cardiovasculaires couvrent un large éventail de troubles, y compris les maladies du muscle cardiaque et du système vasculaire alimentant le cœur, le cerveau et d'autres organes vitaux.

Le risque de développer une MCV dépend en grande partie de la présence de plusieurs facteurs de risque. Les principaux facteurs de risque des MCV comprennent le tabagisme, l'hypertension artérielle, l'hyperglycémie, anomalies lipidique, obésité et sédentarité.

I.4.4. diabète (Jamison et al., 2006)

Le diabète est une maladie métabolique caractérisée par une hyperglycémie résultant d'anomalies de la sécrétion d'insuline, de l'action de l'insuline ou les deux.

Le diabète de type 1 résulte de destruction des cellules bêta du pancréas, entraînant une carence en insuline. Il survient généralement chez les enfants et les jeunes adultes et nécessite un traitement à l'insuline.

Le diabète de type 2, qui représente environ 85 à 95 pour cent de tous les diagnostics cas, se caractérise généralement par une résistance à l'insuline dans laquelle les tissus cibles n'utilisent pas l'insuline correctement.

Un troisième type de diabète, le diabète gestationnel, est d'abord reconnu pendant la grossesse.

Le diabète de type 1 est très probablement une maladie polygénique, et un certain nombre de facteurs de risque environnementaux potentiels ont été impliqué, y compris des facteurs alimentaires ; allaitement maternel; initiation de lait de vache; Agents infectieux (par exemple, entérovirus, rotavirus et rubéole); produits chimiques; et les toxines, mais les résultats n'ont pas été concluants.

Le risque de diabète de type 2 est plus élevé chez jumeaux monozygotes et personnes ayant des antécédents familiaux de diabète Les facteurs environnementaux comprennent les facteurs prénataux, l'obésité, sédentarité et facteurs alimentaires et socioéconomiques.

I.4.4.1. Aspects clinique (Alla-Atchou TOGO, 2018)

Le diabète sucré se manifeste communément par une hyperglycémie et aboutit à des

complications dégénératives. il peut se manifester de manière aiguë, subaiguë ou chronique.

Les symptômes aigus inclus une émission fréquente et abondante d'urines (polyurie), une soif intense et continue (polydipsie), une faim excessive (polyphagie) et un amaigrissement inexpliqué. en cas de déficit absolu d'insuline, un état acidocétose peut survenir, évoluant rapidement vers le coma. Les symptômes subaigus comprennent les infections de la peau des muqueuses (prurit vulvaire, furonculose, infections urinaires, tuberculose…), une fatigue inhabituelle, des symptômes abdominaux, ou des troubles de vue.

I.4.4.2. Facteurs de risque (Alla-Atchou TOGO, 2018)

Les facteurs de risque du DT2 sont :

a) Facteurs de risque non modifiables :

- l'âge supérieur à 40 ans : le vieillissement peut altérer les mécanismes d'autoréparation de l'organisme, y compris le cerveau par suite favorise le risque du diabète;
- les ATCD familiaux de DT2 (en particulier chez les parents du premier degré : père, mère, frères, sœurs. lorsque l'un des parents a un DT2, le risque pour les enfants d'avoir un DT2 quand ils atteindront 60 ans est estimé à environ 30 % et lorsque les deux parents ont un DT2, le risque est d'environ 50 %. La concordance pour la maladie chez les jumeaux homozygotes est voisine de 90 %);
- les ATCD personnels de macrosomie fœtale (poids fœtal de 4 kg à la naissance: une quantité excessive de glucose transmise au fœtus entraîne un développement plus rapide que la normale méditée par l'hyperinsulinisme fœtal réactionnel).

b) Facteurs de risque modifiables :

- L'excès pondéral (surtout de type androïde) ;
- Des ATCD personnels d'hyperglycémie transitoire (par exemple lors d'une grossesse, d'une contraception œstro-progestative, d'une corticothérapie, d'une infection, d'un traumatisme, d'une intervention chirurgicale) ;
- La glycémie à jeun ≥ 1g/L;
- Taux élevé de cholestérol: L'hypercholestérolémie est un facteur de risque important pour l'hypertension contribue également à augmenter les risques de maladies cardiovasculaires;
- Une alimentation trop riche (en glucides et lipides) ;
- Une sédentarité: absence ou insuffisance d'activité physique ;

- Le tabagisme : la consommation de tabac semble avoir une influence sur le pancréas en augmentant la résistance à l'insuline beaucoup de fumeurs présentent un risque de développer un diabète;
- L'alcoolisme.

I.4.5. les maladies respiratoires (WHO, 2020)

Les maladies respiratoires chroniques sont une des principales MNT, responsables de 8 % des décès liés aux MNT en 2012. la plupart des décès sont dus à deux des principales maladies respiratoires, la bronchopneumopathie chronique obstructive (BPCO) et l'asthme, et se produisent principalement dans des pays à revenu faible ou intermédiaire. les principaux facteurs de risque des maladies respiratoires chroniques sont l'exposition à la pollution de l'air et le tabagisme.

I.4.6. le cancer (WHO, 2020)

Le cancer est la deuxième cause de décès dans le monde, à l'origine de quelque 10 millions de décès en 2018, la plupart dans des pays à revenu faible ou intermédiaire. environ un tiers des décès par cancer peut être imputable à des facteurs de risque évitables tels que le surpoids, l'obésité, une mauvaise alimentation, l'inactivité physique, le tabagisme et la consommation d'alcool.

I.4.7. les troubles mentales (Jamison et al., 2006)

Les troubles mentaux sont des maladies qui affectent la cognition, les émotions et le contrôle du comportement et interfèrent considérablement à la fois avec la capacité des enfants à apprendre et avec la capacité des adultes à fonctionner dans leur famille, au travail et dans la société en général.

I.4.8 La prévention des MNT

Les trois principaux piliers de la prévention des MNT sont une alimentation saine, l'activité physique (et à travers ces deux premiers, l'évitement de l'obésité) et l'évitement du tabagisme (Unwin & Alberti, 2006).

I.5.Conclusion

A partir de ce chapitre, on résume qu'il existe une association croissante entre les maladies transmissibles et non transmissibles dans les pays à revenu faible et élevés et parmi les riches et les pauvres car l'humain est le premier responsable de ces maladies à cause de sa négligence. dans les pays à revenu faible ou intermédiaire en particulier, les adultes continuent d'être en paroi à des maladies transmissibles telles que VIH/SIDA et la tuberculose, de plus menacés par des maladies non transmissibles telles que les maladies cardiovasculaires et le diabète.

Bibliographie

- Aba, D. T. Y., Fall, P. K. M. B., Blaizot, D. R., Brouqui, P. P., Christmann, P. D., Dubée, P. V., Abboud, D. P., Baldin, D. B., Bleibtreu, D. A., Buffet, P. P., Consigny, D. P.-H., Duvignaud, D. A., Adehossi, P. É., Baril, D. L., Blondiaux, D. N., Aissi, D. E., Barraud, D. O., Botelho-Nevers, P. E., Ajana, D. F., … Sylla, P. M. (2022). *e.pilly*.
- Alla-Atchou togo. (2018). *surcharge ponderale chez les diabetiques du type 2 dans le service de medecine interne du chu du point "g."*
- Berche, P. (1998). La réémergence du choléra. *Médecine Thérapeutique*.
- Derouin F, Larivière M, Sarfati C, Ses]., B1, B., Sarfati, C., & B1, B. (1994). Microsporidioses. *Presse Medicale*.
- E. Casalino. (2004). PaludismeMalaria. *Science Direct*.
- Figueiredo, R., Paiva, C., & Morato, M. (2017). Arboviroses. *Repositorio Institucional Da Fiocruz*.
- H. Jabri, N. Lakhdar, W. El Khattabi, H. A. (2016). Les moyens diagnostiques de la tuberculoseDiagnostic means for tuberculosis. *Revue de Pneumologie Clinique*.
- Jamison, D. T., Breman, J. G., Measham, A. R., Alleyne, G., Claeson, M., Evans, D. B., Jha, P., Mills, A., & Musgrove, P. (2006). *Disease Control Priorities in Developing Countries. 2nd ed. World Bank, WHO, Oxford University Press.*
- Jawerth, N. (2020). *Iaea Bulletin Les maladies infectieuses*.
- Joly, J., Pratiques, J. J. (2003) I., & Gérin M, Gosselin P, Cordier S, Viau C, Quénel P, D. É. (2003). Infectiologie Infectiologie. *Environnement et Santé Publique - Fondements et Pratique*.
- M. Mjid a, J. Cherif a, N. Ben Salah b, S. Toujani a, Y. Ouahchi a, H. Zakhama a, B. Louzir b, N. Mehiri-Ben Rhouma a, & M. Beji a. (2015). Épidémiologie de la tuberculoseTuberculosis epidemiology. *Science Direct*.
- Marie-Hélène Bessières a, Sophie Cassaing a, Judith Fillaux a, & Alain Berrebi b. (2008). Toxoplasmose et grossesseToxoplasmosis and pregnancy. *Science Direct*.
- Ph.Henrivaux, J.Bury, J.Demonty, & G.Fillet. (1983). le syndrome d'immunodéficience acquise:espoirs et limites thérapeutiques. *Médecine et Hygiène*.
- Sahnoune asma. (2015). *Mémoire fin d ' étude*. Abou Bekr Belkaid.
- Saura, R. (1979). La varicelle. *Soins; La Revue de Reference Infirmiere*.
- Unwin, N., & Alberti, K. G. M. M. (2006). Chronic non-communicable diseases. *Annals of Tropical Medicine and Parasitology*.

- Who. (2020). *Répondre aux maladies non transmissibles pendant et après la pandémie de COVID-19*.

Chapitre II
Les réseaux de neurones

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 ce chapitre, nous nous intéressons à l'application des réseaux de neurones aux bioprocédés.

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.

Nous terminons ce chapitre par la présentation de diverses applications qui sont destinées à montrer que dans le domaine des bioprocédés, les réseaux de neurones sont susceptibles d'apporter des solutions efficaces et élégantes.

II.2. Historique :

En 1943, Mac Culloch et Pitts ont proposé le premier modèle de neurone biologique (Davalo &Naïm 1989). ce dernier, appelé aussi neurone à seuil, a été inspiré des récentes découvertes en biologie. ce sont des neurones logiques (0 ou 1). ces deux physiciens ont montré que les neurones formels peuvent réaliser des fonctions logiques.

En 1949, le psychologue Donald Hebb a introduit, dans son ouvrage "The Organization of Behavior", le terme connexionnisme pour parler des modèles massivement parallèles et connectés. il a proposé de nombreuses règles de mise à jour des poids dont la plus connue à cette époque est la "règle de Hebb"(Attneave et al., 1950); (Davalo &Naïm 1989).

En 1958, le psychologue Frank Rosenblatt a développé le modèle du perceptron (Rosenblatt, 1958).il s'agit d'un réseau de neurones, capable d'apprendre à différencier des formes simples et à calculer certaines fonctions logiques. il est inspiré du système visuel. il a réussi à l'appliquer dans la reconnaissance des formes. au début des années 60, les travaux de Rosenblatt ont vécu un grand intérêt dans le milieu scientifique. Mais en 1969, deux scientifiques américains appelés Minsky et Papert(Minsky & Papert, 1988);(Davalo & Naïm 1989) ont publié un livre dans lequel ont démontré les limites du perceptron proposé par Rosenblatt. en particulier, son incapacité réside à la résolution des problèmes non linéaires.

Les travaux se sont ralentis considérablement jusqu'aux années 80. en 1982, Hopfield a fini par démontrer l'intérêt des réseaux entièrement connectés (Hopfield, 1982); (Davalo &

Naïm 1989). parallèlement, Werbos a conçu un mécanisme d'apprentissage pour les réseaux multicouches de type perceptron : la rétro-propagation (en anglais back-propagation). cet algorithme, qui permet de propager l'erreur vers les couches cachées, sera popularisé en 1986 dans un livre "Parallel Distributed Processing" par Rumelhart et McClelland (Rumelhart& McClelland 1986).

En 1989 Moody et Darken (Moody & Darken, 1989)exploitent quelques résultats de l'interpolation multi variables pour proposer le Réseau à Fonctions de base Radiales (RFR), connu sous l'appellation anglophone "Radial Basis Function network" (RBF). ce type de réseau se distingue des autres types de réseaux de neurones par sa représentation locale (Talbi, 2011).

Depuis ces travaux, les applications des réseaux de neurones n'ont cessé de croître. Les applications en sont multiples et variées.

II.3. Notions de base sur les réseaux de neurones

II.3.1. Du neurone biologique au modèle mathématique

II.3.1.1. Le modèle neurophysiologique

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'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 ce que l'on nomme les dendrites. c'est par les dendrites que l'information est acheminée de l'extérieur vers le soma(KHAOUANE Latifa, 2013).

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, comme schématisé sur la figure II.2, s'appelle synapse(Tzanakou 2000).

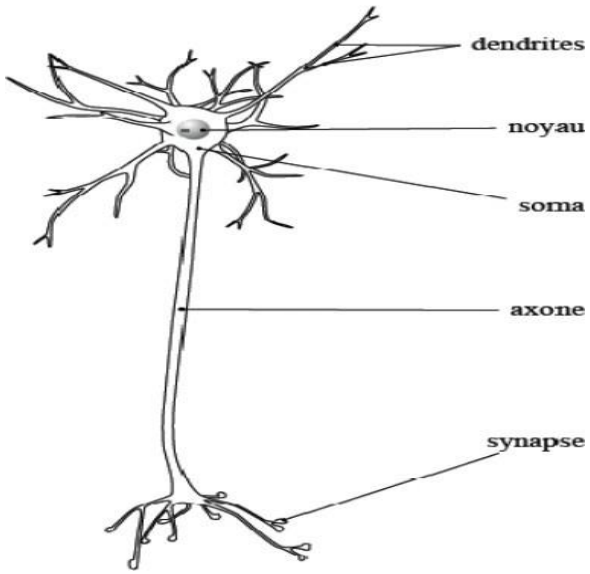


Figure II.1. Schéma d'un neurone(Talbi, 2011).

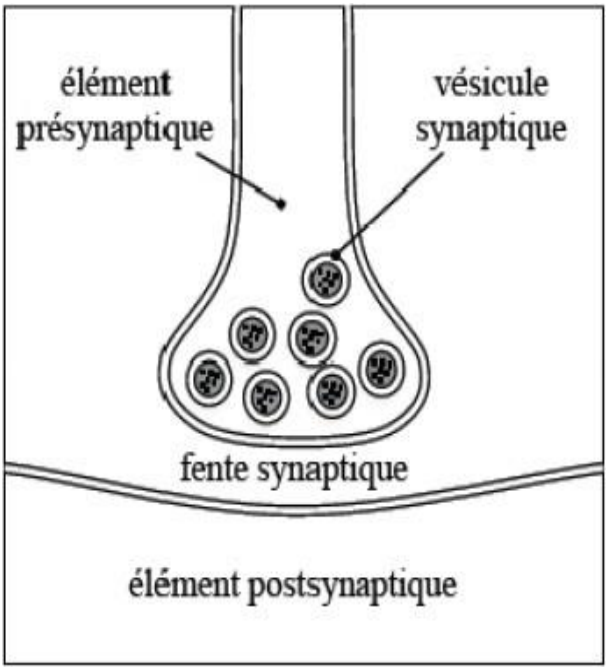


Figure II.2. Schéma d'une synapse(Talbi, 2011).

II.3.1.2.modèle mathématique

Par analogie avec le neurone biologique, chaque neurone artificiel est un processeur élémentaire. il reçoit un nombre variable d'entrées en provenance de neurones en amont. à chacune de ces entrées est associé un poids w, abréviation du mot poids (weight en anglais), représentatif de la force de la connexion. chaque processeur élémentaire est doté d'une sortie unique qui se ramifie ensuite pour alimenter un nombre variable de neurones en aval comme montré sur la Figure II.3 (haykin1999). A chaque connexion est associé un poids.

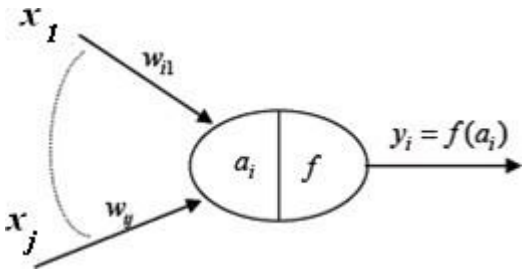


Figure II.3 neurone formel(Talbi, 2011).

Le comportement du neurone artificiel se compose de deux phases (haykin1999).

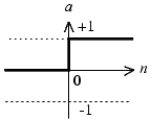
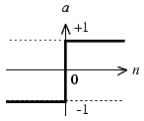
La première phase représente le prétraitement des données reçues en calculant la somme pondérée des entrées selon l'expression suivante :

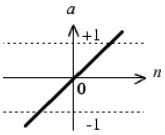
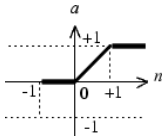
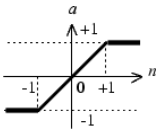
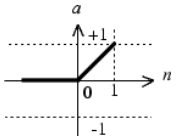
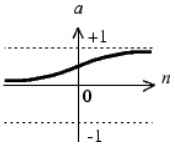
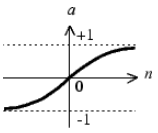
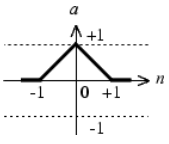
$$a_i = \Sigma w_{ij} x_j \qquad \textbf{(1.1)}$$

Dans la deuxième phase, une fonction de transfert calcule la valeur de l'état interne du neurone.

C'est cette valeur qui sera transmise aux neurones en aval. plusieurs possibilités existent pour spécifier la nature de la fonction d'activation du modèle. les fonctions mathématiques les plus souvent utilisées tel que les fonctions linéaires, sigmoïdes et gaussiennes sont schématisées sur la Figure (2.4). à la différence des neurones biologiques dont l'état est binaire, la plupart des fonctions de transfert sont continues, offrant une infinité de valeurs possibles comprises dans l'intervalle [0, +1] ou [-1, +1]. ainsi, le neurone peut être défini mathématiquement comme étant une fonction algébrique, a priori non linéaire (suivant la fonction d'activation *f*) et bornée, avec des entrées *x* et paramétrée par les poids w_{ij}.

Tableau II.1. Fonctions de transfert usuelles, *a=f(n)* (SI-MOUSSA, 2003)

Nom de la fonction	**Relation entrée / sortie**	**Graphe de la fonction**	**Fonction MATLAB® correspondante**
Seuil	$a = 0$ si $n < 0$ $a = 1$ si $n \geq 0$		hardlim
Seuil symétrique	$a = -1$ si $n < 0$ $a = 1$ si $n \geq 0$		hardlims

Linéaire	$a = n$		purelin
Linéaire saturée	$a = 0$ si $n < 0$ $a = n$ si $0 \leq n \leq 1$ $a = 1$ si $n > 1$		satlin
Linéaire saturée symétrique	$a = -1$ si $n < -1$ $a = n$ si $-1 \leq n \leq 1$ $a = 1$ si $n > 1$		satlins
Linéaire positive	$a = 0$ si $n < 0$ $a = n$ si $n \geq 0$		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	$a = 1-\|n\|, -1 \leq n \leq +1$ $a = 0$, *autrement*		tribas

II.3.2.Architecture des réseaux de neurones

On distingue deux grandes familles de réseaux de neurones : les réseaux bouclés et les réseaux non bouclés (Figure II.4).

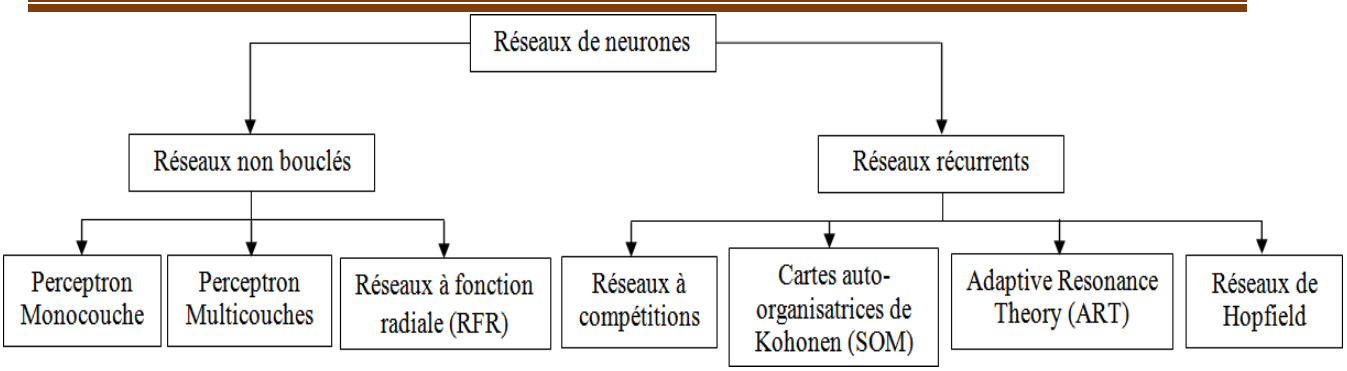


Figure II.4. Réseaux de neurones les plus utilisés. (Talbi, 2011)

II.3.2.1.Réseau de neurones non bouclé (en Anglais feedforward)

Un réseau de neurones non bouclé est donc représenté graphiquement par un ensemble de neurones connectés entre eux, l'information circulant des entrées vers les sorties sans "retour en arrière" (Bishop1995). on constate que le graphe d'un réseau non bouclé est acyclique. en effet, si on se déplace dans ce type de réseau à partir d'un neurone quelconque en suivant les connexions, on ne peut pas revenir au neurone de départ. les neurones qui effectuent le dernier calcul de la composition de fonctions sont les neurones de sortie. ceux qui effectuent des calculs intermédiaires sont les neurones cachés (figure II.5).

Les réseaux non bouclés à couche sont structurés tel que les neurones qui appartiennent à une même couche ne soient pas connectés entre eux, chacune des couches recevant des signaux de la couche précédente, et transmettant le résultat de ses traitements à la couche suivante. les deux couches extrêmes correspondent à la couche d'entrée qui reçoit ses entrées du milieu extérieur d'une part, et à la couche de sortie qui fournit le résultat des traitements effectués d'autre part. les couches intermédiaires sont appelées couches cachées, leur nombre est variable(Chamekh, 2007).

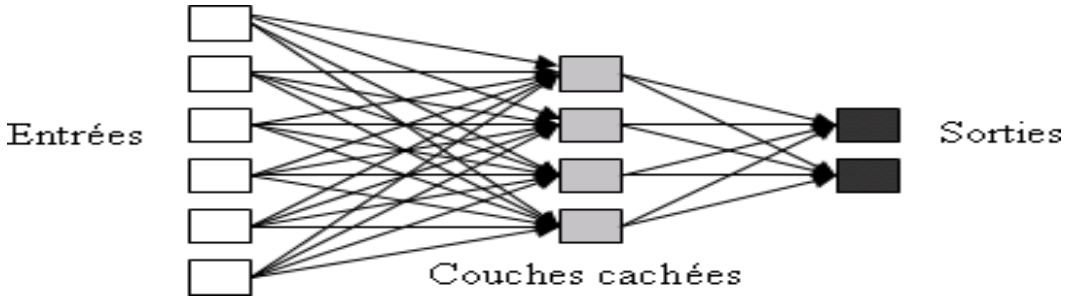


Figure II.5. Structure d'un réseau de neurones non bouclé(Chamekh, 2007).

II.3.2.2.Réseau de neurones bouclé (ou récurrent)

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 (Chamekh, 2007).

La figure II.6 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(KHAOUANE Latifa, 2013).

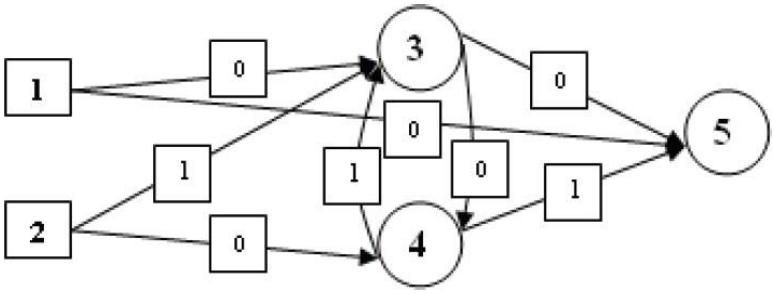


Figure II.6. Un réseau de neurones bouclé à deux entrées. (Chamekh, 2007)

II.3.3.Les types d'apprentissage des réseaux de neurones

L'apprentissage est vraisemblablement la propriété la plus intéressante des réseaux de neurones. elle ne concerne cependant pas tous les modèles, mais uniquement les plus utilisés. L'apprentissage est une phase du développement du réseau de neurones durant laquelle on calcule les poids des neurones de telle manière que les sorties du réseau soient aussi proches que possible des sorties désirées. les procédures d'apprentissage sont divisées, elles aussi, en deux grandes catégories: apprentissage supervisé et apprentissage non supervisé (Hassoun 1995).

II.3.3.1.L'apprentissage supervisé

L'apprentissage supervisé implique l'existence d'un *professeur* qui a pour rôle d'évaluer le succès (ou l'échec) du réseau quand il lui est présenté un stimulus connu (on dit que ce stimulus est un exemple appartenant à la base d'apprentissage). cette supervision consiste à renvoyer au réseau une information lui permettant de faire évoluer ses connexions (parfois aussi sa propre architecture) afin de faire diminuer son taux d'échec. l'information peut

être explicite, sous la forme d'une mesure de l'erreur commise, par exemple, ou globalement sur l'ensemble des exemples de la base. c'est ce qui se passe dans le cas du Perceptron. mais elle peut être plus implicite (apprentissage par renforcement), sous forme d'une simple appréciation (*bon* ou *mauvais*, punition ou récompense), sans mesure d'erreur, etmême être globale, sur l'ensemble des tâches que le réseau doit exécuter. dans ce dernier cas, il est facile de comprendre que l'apprentissage est le plus difficile, la difficulté majeure consistant pour le réseau à identifier les étapes du processus qui sont responsables de l'échec ou du succès(Hassoun 1995).

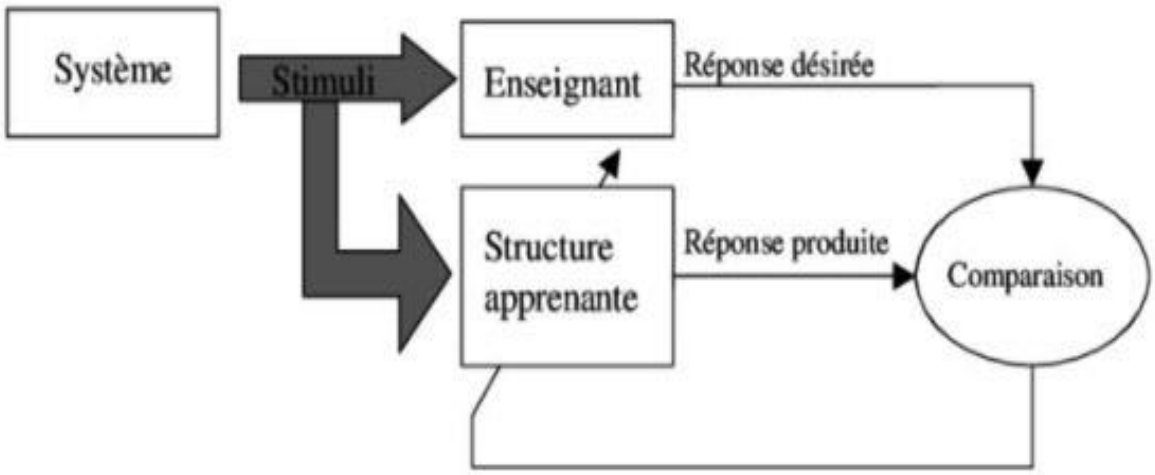


Figure II.7. Apprentissage supervisé(IBRIR, 2022).

II.3.3.2.Apprentissage non supervisé

L'apprentissage non supervisé implique la fourniture à un réseau autonome d'une quantité suffisante d'exemples contenant des répétitions (autrement dit de la redondance), telles que celui-cien dégage les régularités automatiquement. ces réseaux sont souvent appelés auto-organisateurs, ou encore à apprentissage compétitif. dans l'apprentissage non supervisé, les données ne contiennent pas d'informations sur une sortie désirée, il n'y a pas de superviseur ou expert humain. il s'agit de déterminer les paramètres du réseau de neurones suivant un critère à définir. dans ce cas, les exemples présentés à l'entrée provoquent une auto adaptation du réseau afin de produire des valeurs de sortie qui soient proches en réponse pour des valeurs d'entrées similaires. ce type d'apprentissage possède souvent moins de complexité dans le calcul par rapport à l'apprentissage supervisé. bien entendu, l'architecture du réseau, préalablement définie par son utilisateur, est une forme de supervision(Hassoun 1995).

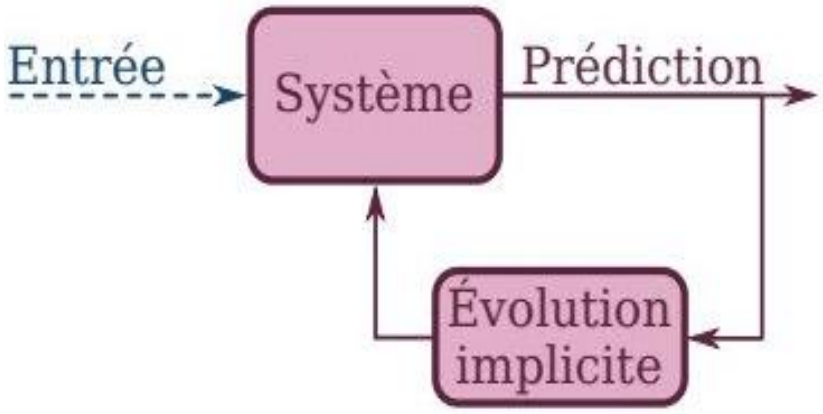


Figure II.8. Apprentissage non supervisé(IBRIR, 2022).

II.4.Les réseaux de neurones les plus utilisés

La Figure II.4 représente les réseaux de neurones les plus utilisés dans la littérature. Dans ce qui suit, nous allons faire une description de chacun d'eux.

II.4.1. Le perceptron mono-couche (Perceptron simple)

Le perceptron est le premier modèle des réseaux de neurones inventé 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 selon la règle de correction de l'erreur(Talbi, 2011).

II.4.2.Le perceptron multicouche (en anglais Multi Layer Perceptron)

C'est une extension du précédent, avec une ou plusieurs couches cachées entre l'entrée et la sortie (Keedwell &Narayanan 2005).chaque neurone dans une couche est connecté à tous les neurones de la couche précédente et de la couche suivante.il peut résoudre des problèmes non linéairement séparables et des problèmes logiques plus compliqués.il suit un apprentissage supervisé(Talbi, 2011).ce réseau a été choisi pour la suite de notre travail

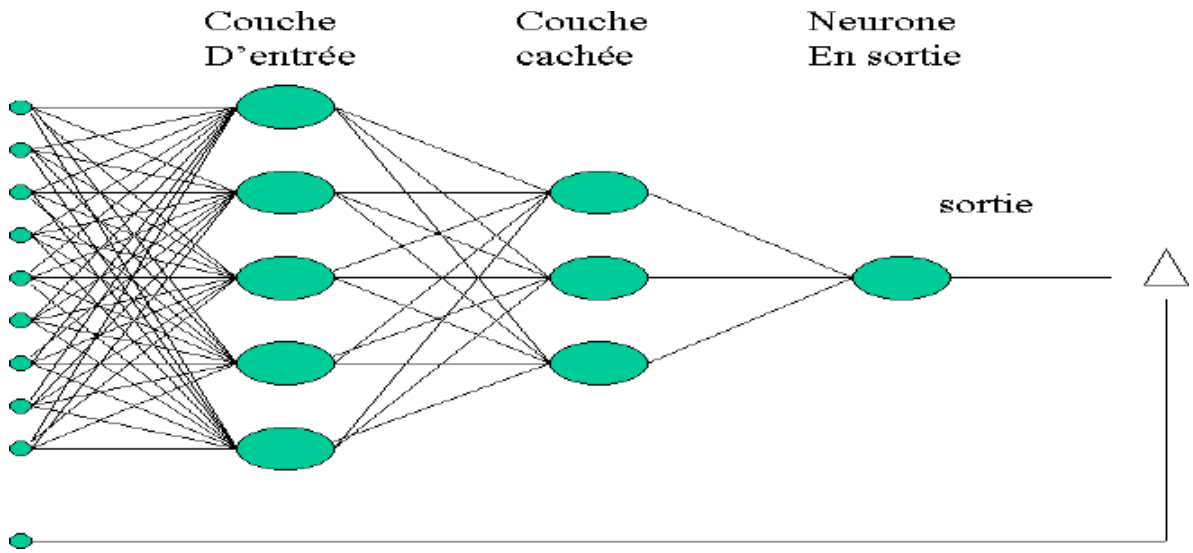


Figure II.9. Architecture d'un réseau multicouche.(*Architecture-Dun-Reseau-Multicouches*, n.d.)

II.4.3. Les réseaux à fonction radiale

Les réseaux à fonctions de bases radiales (RBF) ou plus simplement réseaux à bases radiales ont été proposés par J. Moody et C. Darken(Moody & Darken, 1989).les RBF seront donc employés dansles mêmes types de problèmes que les PMC à savoir, en classification et en approximation de fonctions, particulièrement. l'apprentissage le plus utilisé pour les RBF est le mode hybride(Talbi, 2011).

II.4.4. Les 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. Les réseaux de Hopfield

Les réseaux de Hopfield (Hopfield, 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 Hopfield 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. Les réseaux ART

Les réseaux ART (Adaptive Resonance Theory) sont des réseaux à apprentissage par compétition(G. A. Carpenter & Grossberg, 1987)(G. Carpenter & Grossberg, 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 lesART-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 (KHAOUANE Latifa, 2013)

Les réseaux de neurones réalisent des fonctions non linéaires paramétrées. leurs mises en oeuvre 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.

II.5.1.Détermination des entrées/sorties du réseau de neurones(KHAOUANE Latifa, 2013).

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.

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(Maysoun DAMES, 2005).

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(Bishop1995).

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(Maysoun DAMES, 2005).

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(Nascimento et al., 2000).

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 de PMC ( ) i $\Sigma w x$ est dans la partie asymptotique de la fonction d'activation(Maysoun DAMES, 2005).

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 (Urbani et al., 1994).

Comme nous l'avons mentionné, nous avons retenu le Perceptron Multicouches 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(Maysoun DAMES, 2005).

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 Multicouches avec une seule couche cachée pourvue d'un nombre suffisant de neurones, peut approximer n'importe quelle fonction avec la précision souhaitée (Hornik, 1991).

II.5.3.2. Nombre de neurones cachés

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. Suivant les cas, on utilisera différentes méthodes d'optimisation de ce dernier. Cet aspect sera expliqué en détail dans deux cas d'application où les données sont d'un type différent (calculées et expérimental) (Maysoun DAMES, 2005).

En général, ce nombre est déterminé par des règles empiriques.

Suivant les auteurs, la taille de la couche cachée doit être :

- 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 sophistiques, la recherche consisterait soit à :

- estimer un réseau comportant de nombreux neurones puis à le simplifier par l'analyse des multicolinéarités ou par une règle d'apprentissage éliminant les neurones inutiles.
- définir une architecture tenant compte de la structure des variables identifiées au préalable par une analyse en composantes principales(Bermejo & Cabestany, 2001) ; (Bermejo & Cabestany, 2001).
- augmenter progressivement la complexité du modèle à chaque itération, dite « Cascading », et réévaluer l'efficacité de généralisation à chaque addition d'un nouveau neurone(Maysoun DAMES, 2005).

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(Dreyfus2004).

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. (Dreyfus2004).

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 (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 ou encore ″Back-propagation″(Maysoun DAMES, 2005).on distingue deux étapes dans la phase d'apprentissage(Maysoun DAMES, 2005).

• 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 [Parizeau, 2004].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(Dames2005).

algorithmes de rétro-propagation implantés actuellement dans les logiciels de RNA appartiennent à une des cinq classes suivantes : (SI-MOUSSA, 2003).

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

Le tableau I.2 résume les algorithmes d'apprentissage par rétro-propagation implanté dans la boite à outils des RN du programme MATLAB® (Demuth, 2000)

Tableau II.2. Résumé des caractéristiques des algorithmes d'apprentissage de rétro-propagationimplantés dans MATLAB®(Demuth, 2000).

Algorithme	**Caractéristiques**
Descente du gradient	
Descente du gradient simple (***traingd)***	Descente du gradient de base. Réponse lente; peut être utilisée pour apprentissage en mode séquentiel.
Descente du gradient avec moment(***traingdm)***	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-Marquardt	
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 pose problème.si les performances ne sont pas satisfaisantes, il faudra, soit modifier l'architecture du réseau, soit modifier la base d'apprentissage (dames2005).

II.6.Application des réseaux de neurones en bioprocédés

Durant les dernières années, la littérature scientifique relative aux réseaux de neurones (RN) s'est enrichie considérablement par la publication des travaux relatant des applications diverses telles que la modélisation, la reconnaissance des formes, l'optimisation et le contrôle des bioprocédés, tous sujet d'intérêt en biotechnologie. les ouvrages de Baughman et Liu (Baughman & Liu 1995), Montague et Morris (Montague & Morris 1994), Basheer et Hajmeer (Basheer &Hajmeer 2000) et Nicoletti (Nicoletti et al., 2009)donnent des aperçus sur les applications des RN en bioprocédés.plusieurs applications sont résumées ci-dessous :

II.6.1.Modélisation et prédiction

Plusieurs exemples, sur la modélisation et la prédiction par les RN, sont cités dans la littérature. à titre d'exemple, l'estimation en ligne des concentrations de la biomasse, du glucose et de l'éthanol par un réseau récurrent ayant pour entrées : les mesures antérieures, les conditions du processus et les entrées de commande du processus. Zhu et ces collaborateurs (Zhu et al., 1996)ont utilisé un RN pour décrire la production à grande échelle de lysine et ont prédit avec succès la formation du produit à partir des mesures en ligne et la simulation récursive de la consommation du sucre. Galván et ces co-auteurs (Galván et al., 1996)ont utilisé les réseaux de neurones dans l'ajustement de données cinétiques complexes des réactions chimiques, ils ont démontré que cette modélisation s'avère très utile lorsque les mécanismes cinétiques ne sont pas bien saisis et que suffisamment de données sur le processus sont disponibles.les RN peuvent remplacer les modèles (semi-) mécanistiques, parce que, une fois ajusté, ils sont mathématiquement robuste, facile à utiliser et rapide(Fontaine &Germain 2001).

Dans le travail de Shene et co-auteurs (Shene et al., 1999)), deux réseaux de neurones différents (un réseau neuronal de type feedforward et un réseau neuronal hybride) ont été conçus pour prédire les variables d'état dans la fermentation batch de l'éthanol en tenant compte de l'effet de la composition du milieu et de la température. Becker et ces collaborateurs (Becker et al., 2002)ont appliqué un RN dynamique pour la modélisation de la fermentation de

la bière, suivie d'une optimisation des profils de température afin de réduire le temps de fermentation. Saraceno et co- autheurs (Saraceno et al., 2010)ont simulé la fermentation de *lactosérum de fromage ricotta* pour la production d'éthanol au moyen d'un modèle neuronal hybride multiple, obtenu par couplage d'un réseau neuronal de type perceptron multicouches avec les équations de bilan de masse pour le lactose, l'éthanol et la biomasse. Nasr et ces collaborateurs (Nasr et al., 2013) ont développés un modèle neuronal de type rétro-propagation pour estimer le profil de production d'hydrogène en fonction du temps dans les études batch, les entrées du RN sont : le *pH* initial, les concentrations initiales du substrat et de la biomasse, la température et le temps. Pour ce qui est de notre application(Khaouane et al., 2013).

II.6.2.Capteurs logiciels (en anglais soft sensors)

Les RN sont aussi appliqués pour le développement de capteurs logiciels à des fins d'estimation et de contrôle.généralement les mesures on line sont reliées aux mesures off line des états du processus (Di Massimo et al., 1992).;(Karim et al., 1997); (Ye et al., 1998); (Linko et al., 1999)par exemple, les mesures on line tel que le *pH*, l'ammoniac et la vitesse d'agitation ont été appliqués pour prédire les niveaux de biomasse et de produit dans le travail de Jin et co-auteurs (Jin et al., 1996)et Linko et co-auteurs(Linko et al., 1997). Yuan et Vanrolleghem (Yuan & Vanrolleghem, 1999) ont appliqué les RN pour la prédiction on line des profils de concentration de pénicilline.

En outre, les informations spécifiques du processus comme la phase du processus et le temps de fermentation peuvent être utilisées comme des inputs additionnels(Di Massimo et al., 1992).les capteurs logiciels peuvent aussi être appliqués pour remplacer les procédures analytiques couteuseset difficiles. Kang et ces collaborateurs (Kang et al., 1998)ont développé un capteur logiciel pour la mesure de la concentration de l'acide clavulanique. une autre nouveauté est le nez électronique (Bachinger & Mandenius, 2000).

II.6.3.Reconnaissance des formes (en anglais pattern recognition)

Les RN sont appliqués pour la détection des irrégularités du processus, pour réduire la variabilité du processus, pour la prédiction on line de la performance du processus et pour détecter les défauts des capteurs (Glassey et al., 1997).un autre exemple est l'application d'un RN à auto- organisation(Kohonen, 1982) pour établir un rapport entre les données de la qualité des semences pour prédire la performance de la phase finale de la fermentation (Ignova et al., 1999) ; par ailleurs, la phase finale atypique de la fermentation peut être .détectée dès le début.

l'application des RN auto- associative pour la détection d'anomalie on line a été proposée par Shimizu et co-auteurs (Shimizus et al., 1998) et aussi appliquée dans la production de virginiamycin par Huang et ces collaborateurs(Huang et al., 2002).

II.6.4.Optimisation

Les RN ont été appliqués pour l'optimisation à base de modèle des milieux de culture en mode batch par kennedy et co-auteurs (Kennedy et al., 1992); (Kennedy & Spooner, 1996) qui a abouti à une grande réduction dans les expériences par comparaison à l'approche classique basée sur les plans d'expérience.

La combinaison des RN avec les algorithmes évolutionnaires, tel que les algorithmes génétiques, a donné naissance à une nouvelle approche qui a prouvé et ne cesse de prouver son efficacité et sa robustesse dans l'optimisation des milieux de culture de *Lactobacillus plantarum* (Desai et al., 2006)optimisation des constituants du milieu pour la production de lipase (Haider et al., 2008)(optimisation de la production de scléroglucane (Desai et al., 2006), optimisation de la production de L-asparagine (Gurunathan & Sahadevan, 2011)et optimisation de la production de lipase(Nelofer et al., 2012).

II.6.5.Contrôle

Les RN sont souvent appliqués au sein des schémas de contrôle en tant que modèles, estimateurs d'état ou optimiseur. Schenker et Agarwal (Schenker & Agarwal, 1998) ont étudié différent type de structures neuronales pour le contrôle prédictif des réacteurs chimiques. Kovarovaet ces collaborateurs (Kovárová-Kovar et al., 2000) ont utilisé un modèle neuronal en combinaison avec une optimisation on line pour l'adaptation de la trajectoire d'alimentation durant la productionde riboflavine.

II.7. Conclusion

C**e** chapitre présente les bases des réseaux de neurones artificiels (RN). après avoir présenté l'histoire de l'émergence de RN et les modèles biologiques et mathématiques des neurones, différentes architectures de RN et leurs types d'apprentissage sont présentés. Deuxièmement, nous montrons les RN les plus couramment utilisés et les différentes étapes de conception d'un réseau de neurones. nous concluons ce chapitre par une présentation de divers travaux liés à diverses applications des RN dans les processus biologiques, notamment dans la modélisation, la prédiction, la reconnaissance de forme, l'optimisation et le contrôle.

Bibliographie

- *Architecture-dun-reseau-multicouches*. (n.d.).Consulté (23mars2023)
- Attneave, F., B., M., & Hebb, D. O. (1950). The Organization of Behavior; A Neuropsychological Theory. *The American Journal of Psychology*.
- Bachinger, T., & Mandenius, C. F. (2000). Searching for process information in the aroma of cell cultures. *Trends in Biotechnology*.
- Becker, T., Enders, T., & Delgado, A. (2002). Dynamic neural networks as a tool for the online optimization of industrial fermentation. *Bioprocess and Biosystems Engineering*.
- Bermejo, S., & Cabestany, J. (2001). On-line gradient learning algorithms for K-nearest neighbor classifiers. *Lecture Notes in Computer Science (Including Subseries Lecture Notes in Artificial Intelligence and Lecture Notes in Bioinformatics)*.
- Carpenter, G. A., & Grossberg, S. (1987). Codes for Analog Input Patterns. *Applied Optics*.
- Carpenter, G., & Grossberg, S. (1988). *The ART of Adaptive Pattern Recognition by a Network*.
- Chamekh, A. (2007). Optimisation des procédés de mise en forme par les réseaux de neurones artificiels. In *HAL OPEN SCIENCE*.
- Demuth, H. (2000). Neural Network Toolbox ™ 6 User ' s Guide. In *Network*.
- Desai, K. M., Akolkar, S. K., Badhe, Y. P., Tambe, S. S., & Lele, S. S. (2006). Optimization of fermentation media for exopolysaccharide production from Lactobacillus plantarum using artificial intelligence-based techniques. *Process Biochemistry*.
- Di Massimo, C., Montague, G. A., Willis, M. J., Tham, M. T., & Morris, A. J. (1992). Towards improved penicillin fermentation via artificial neural networks. *Computers and Chemical Engineering*.
- Galván, I. M., Zaldívar, J. M., Hernández, H., & Molga, E. (1996). The use of neural networks for fitting complex kinetic data. *Computers and Chemical Engineering*.
- Glassey, J., Ignova, M., Ward, A. C., Montague, G. A., & Morris, A. J. (1997). Bioprocess supervision: Neural networks and knowledge based systems. *Journal of Biotechnology*.
- Gurunathan, B., & Sahadevan, R. (2011). Design of experiments and artificial neural network linked genetic algorithm for modeling and optimization of L-asparaginase production by Aspergillus terreus MTCC 1782. *Biotechnology and Bioprocess*

Engineering.

- Haider, M. A., Pakshirajan, K., Singh, A., & Chaudhry, S. (2008). Artificial neural network-genetic algorithm approach to optimize media constituents for enhancing lipase production by a soil microorganism. *Applied Biochemistry and Biotechnology*.
- Hopfield, J. J. (1982). Neural networks and physical systems with emergent collective computational abilities. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*.
- Hornik, K. (1991). Approximation capabilities of multilayer feedforward networks. *Neural Networks*.
- Huang, J., Shimizu, H., & Shioya, S. (2002). Data preprocessing and output evaluation of an autoassociative neural network model for online fault detection in virginiamycin production. *Journal of Bioscience and Bioengineering*.
- Ibrir, A. (2022). *Contribution À L'Étude En Trois Dimensions (3D) De La Dispersion D'Un Polluant Gazeux Dans Un Milieu Urbain*.
- Ignova, M., Montague, G. A., Ward, A. C., & Glassey, J. (1999). Fermentation seed quality analysis with self-organising neural networks. *Biotechnology and Bioengineering*.
- Jin, S., Ye, K., Shimizu, K., & Nikawa, J. (1996). Application of artificial neural network and fuzzy control for fed-batch cultivation of recombinant Saccharomyces cerevisiae. *Journal of Fermentation and Bioengineering*.
- Kang, S. G., Lee, D. H., Ward, A. C., & Lee, K. J. (1998). Rapid and quantitative analysis of clavulanic acid production by the combination of pyrolysis mass spectrometry and artificial neural network. In *Journal of Microbiology and Biotechnology*.
- Karim, M. N., Yoshida, T., Rivera, S. L., Saucedo, V. M., Eikens, B., & Gyu-Seop, O. H. (1997). Global and local neural network models in biotechnology: Application to different cultivation processes. *Journal of Fermentation and Bioengineering*.
- Kennedy, M. J., Prapulla, S. G., & Thakur, M. S. (1992). Designing fermentation media: A comparison of neural networks to factorial design. *Biotechnology Techniques*.
- Kennedy, M. J., & Spooner, N. R. (1996). Using Fuzzy Logic To Design Fermentation Media: A Comparison To Neural Networks And Factorial Design Max. *Biotechnology Techniques*.
- Khaouane, L., Benkortbi, O., Hanini, S., & Si-Moussa, C. (2013). Modeling of an

industrial process of Pleuromutilin fermentation using feed-forward neural networks. *Brazilian Journal of Chemical Engineering*.

- Khaouane Latifa. (2013). *Etude Et Modelisation De La Biosynthese Des Antibiotiques A Partir De Differentes Souches Productrices - Cas De Pleuromutiline*.
- Kohonen, T. (1982). Self-organized formation of topologically correct feature maps. *Biological Cybernetics*.
- Kovárová-Kovar, K., Gehlen, S., Kunze, A., Keller, T., Von Däniken, R., Kolb, M., & Van Loon, A. P. G. M. (2000). Application of model-predictive control based on artificial neural networks to optimize the fed-batch process for riboflavin production. *Journal of Biotechnology*.
- Linko, S., Luopa, J., & Zhu, Y. H. (1997). Neural networks as "software sensors" in enzyme production. *Journal of Biotechnology*.
- Linko, S., Zhu, Y. H., & Linko, P. (1999). Applying neural networks as software sensors for enzyme engineering. *Trends in Biotechnology*.
- Maysoun DAMES. (2005). *Gestion de procedes discontinus : methodologie de modelisation et d'optimisation d'operations de dispersion liquide-liquide en cuve agitee*.
- Minsky, M. L., & Papert, S. A. (1988). *Perceptrons*.
- Moody, J., & Darken, C. J. (1989). Fast Learning in Networks of Locally-Tuned Processing Units. *Neural Computation*.
- Nascimento, C. A. O., Giudici, R., & Guardani, R. (2000). Neural network based approach for optimization of industrial chemical processes. *Computers and Chemical Engineering*.
- Nasr, N., Hafez, H., El Naggar, M. H., & Nakhla, G. (2013). Application of artificial neural networks for modeling of biohydrogen production. *International Journal of Hydrogen Energy*.
- Nelofer, R., Ramanan, R. N., Rahman, R. N. Z. R. A., Basri, M., & Ariff, A. B. (2012). Comparison of the estimation capabilities of response surface methodology and artificial neural network for the optimization of recombinant lipase production by E. coli BL21. *Journal of Industrial Microbiology and Biotechnology*.
- Nicoletti, M. C., Jain, L. C., & Giordano, R. C. (2009). Computational intelligence techniques as tools for bioprocess modelling, optimization, supervision and control. *Studies in Computational Intelligence*.
- Rosenblatt, F. (1958). The perceptron: A probabilistic model for information storage

and organization in the brain. *Psychological Review*.

- Saraceno, A., Curcio, S., Calabrò, V., & Iorio, G. (2010). A hybrid neural approach to model batch fermentation of "ricotta cheese whey" to ethanol. *Computers and Chemical Engineering*.
- Schenker, B., & Agarwal, M. (1998). Predictive control of a bench-scale chemical reactor based on neural-network models. *IEEE Transactions on Control Systems Technology*.
- Shene, C., Diez, C., & Bravo, S. (1999). Neural networks for the prediction of the state of Zymomonas mobilis CP4 batch fermentations. *Computers and Chemical Engineering*.
- Shimizu, H., Yasuoka, K., Uchiyama, K., & Shioya, S. (1998). Bioprocess fault detection by nonlinear multivariate analysis: Application of an artificial autoassociative neural network and wavelet filter bank. *Biotechnology Progress*.
- Si-Moussa, C. (2003). Modélisation des équilibres de phases a pressions élevées par les réseaux de neurones artificiels. *These de Doctorat*.
- stone. (1977). *An asymptotic equivalence of choice of model by cross-validation and Akaike's*.
- Talbi, M. L. (2011). *Analyse et Traitement du Signal Électrocardiographique (ECG)*.
- Urbani, D., Roussel-Ragot, P., Personnaz, L., & Dreyfus, G. (1994). Selection of neural models of non-linear dynamical systems by statistical tests. *Neural Networks for Signal Processing - Proceedings of the IEEE Workshop*.
- Ye, K., Jin, S., & Shimizu, K. (1998). On the development of an intelligent control system for recombinant cell culture. *International Journal of Intelligent Systems*.
- Yuan, J. Q., & Vanrolleghem, P. A. (1999). Rolling learning-prediction of product formation in bioprocesses. *Journal of Biotechnology*.
- Zhu, Y. H., Rajalahti, T., & Linko, S. (1996). Application of neural networks to lysine production. *Chemical Engineering Journal and the Biochemical Engineering Journal*.

- Davalo, E., & Naïm, P. (1989). Des Réseaux de Neurones, Eyrolles.
- Hopfield, J. J. (1982). Neural networks and physical systems with emergent collective computational abilities. *Proceedings of the national academy of sciences*.
- Mcclelland, James L., Rumelhart, David E., Pdp Research Group, *Et Al. Parallel Distributed Processing*. Cambridge, MA : MIT Press, 1986.

- Micheli-Tzanakou, E. (Ed.). (2000). Supervised and unsupervised pattern recognition: feature extraction and computational intelligence.
- Haykin, S. (1998). *Neural networks: a comprehensive foundation*. Prentice Hall PTR.
- Bishop, C. M. (1995). *Neural networks for pattern recognition*. Oxford university press.
- Hassoun, M. H. (1995). *Fundamentals of artificial neural networks*. MIT press.
- Keedwell, E., & Narayanan, A. (2005). *Intelligent bioinformatics: The application of artificial intelligence techniques to bioinformatics problems*. John Wiley & Sons.
- Bermejo, S., & Cabestany, J. (2001). Learning with nearest neighbour classifiers. *Neural processing letters*.
- Baughman, D. R., & Liu, Y. A. (1995). Neural Networks in Bioprocessing and Chemical Engineering: With Disk.
- Montague, G., & Morris, J. (1994). Neural-network contributions in biotechnology. *Trends in biotechnology*.
- Basheer, I. A., & Hajmeer, M. (2000). Artificial neural networks: fundamentals, computing, design, and application. *Journal of microbiological methods*.
- Fontaine, J. L., & Germain, A. (2001). Model-based neural networks. *Computers & Chemical Engineering*.
- Desai, K. M., Survase, S. A., Saudagar, P. S., Lele, S. S., & Singhal, R. S. (2008). Comparison of artificial neural network (ANN) and response surface methodology (RSM) in fermentation media optimization: case study of fermentative production of scleroglucan. *Biochemical Engineering Journal*.
- Dreyfus, G. (2004). *Réseaux de neurones: méthodologie et applications*. Eyrolles.

ChapitreIII

Prédiction neuronale du diabète

III.1. Introduction

Ce chapitre est dédié à la prédiction neuronale de la maladie du diabète, dans la première partie nous présentons tous les matériels et méthodes utilisé (les logiciels informatiques, la collecte de la base de données ainsi que sa division, l'optimisation des architectures des RNA, choix du meilleur modèle, l'analyse statistique et l'analyse de sensibilité). Nous montrerons dans la seconde partie tous les résultats obtenus durant et après le développement de modèle de type PMC-RNA, nous donnerons les architectures du meilleure modèle obtenu lors de la modélisation, et à la fin nous présentons le modèle mathématique approprié.

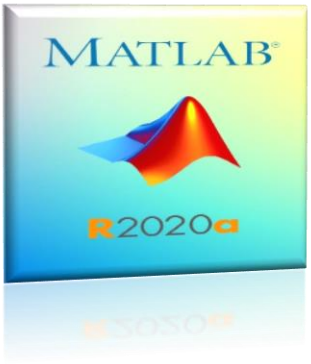
III.2. Matériels et méthodes

III.2.1. Outilles informatique utilisée

Plusieurs logiciels ont été utilisés pendant la réalisation de ce travail, comme le montre **le Tableau III.1.**

- ✓ Nous allons utiliser le "Microsoft Office Excel 2013", surtout dans l'organisation et le prétraitement de la base des données qui se fait dans la plupart du temps manuellement.
- ✓ Le logiciel STATISTICA utilisé pour la modélisation
- ✓ Concernant le dessin des représentations graphiques nous allons utiliser le power point 2013

Tableau III.1. Les logiciels utilisés dans notre travail.

Nom de logiciels	LOGO	Version
Microsoft Office Excel 2013		**2013**
STATISTICA		**8**
Word		**2013**
Power Point		**2013**
MATLAB		**2020**

Il convient de souligné que tous les calculs d'exécution de ce travail ont été effectués à l'aide des ordinateurs personnels :

- **DELL** : doté d'un processeur Intel(R) Core(TM) i5-6300U CPU @ 2.40GHz 2.50 GHz et de 8 Go de mémoire vive (RMA) Windows 11 Professionnel comme système d'exploitation.
- **TOSHIBA :** doté d'un processeur Intel(R) core(TM) i3-2310M CPU @2.10GHz 2100 MHz et de 2 Go de mémoire vive (RMA) Windows 7 Professionnel comme système d'exploitation.

III.2.2. Méthodologie de la modélisation neuronale

Plusieurs étapes ont été utilisées dans le développement de modèle neuronale de type PMC RNA (voir la **figure III.1**) :

- Collecte de la base de données ;
- Division de la base de données ;
- Optimisation des architectures des RNA ;
- Choix du meilleur modèle ;
- Estimation des paramètres et critères de performance ;
- Analyse de sensibilité.

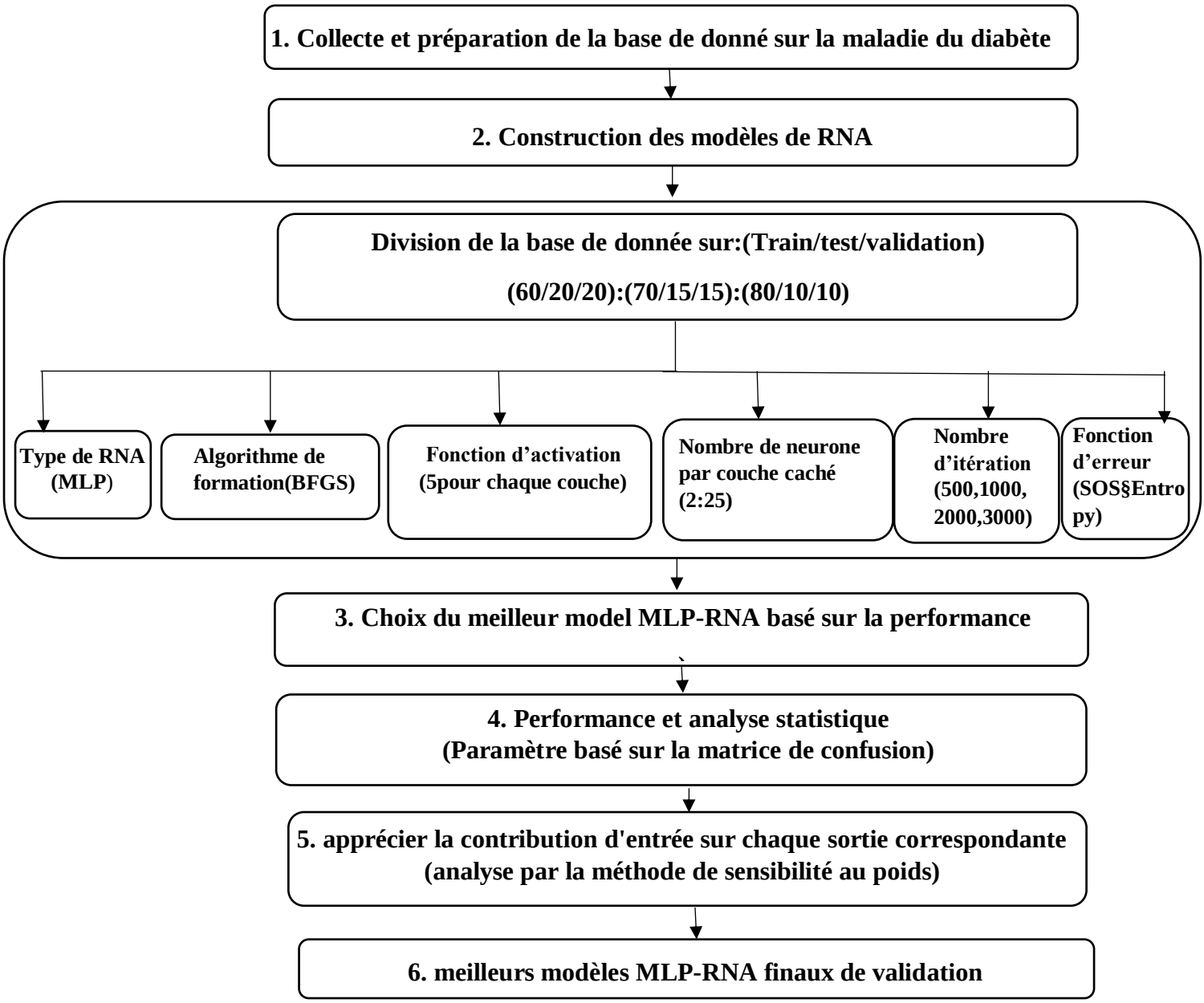


Figure III.1. Organigramme de la méthodologie de développement suivie dans ce travail.

III.2.2.1. Collecte de la base de données

On sait que la qualité de la base de données expérimentale est la pierre angulaire de tout modèle mathématique réussi (Hamadache et al., 2016). Cependant, la collecte de telles données en quantité et qualité appropriées est une tâche très difficile et lourde.

La base de données utilisée dans cette étude a été extraite de site **PIMA-Indian-Diabetes-Predictions**.

Cette base a été destinée pour prédire la maladie de diabète chez les femmes à partir de huit paramètres (entrées):

1. nombre de grossesses (Pregnancies) ;
2. la concentration de plasma glucose ;
3. pression artérielle (mm Hg) ;
4. épaisseur de peau (skin thickness mm) ;
5. taux d'insuline ;
6. l'indice de masse corporelle IMC (BMI en anglais) (poids en kg/(taille en mètres)2) ;
7. fonction d'arbre généalogique du diabète (score mesurant le risque familial du diabète) ;
8. l'âge.

Nous allons réduire le nombre de cas de la base utilisé jusqu'à 392 cas, en éliminant les cas non approprié au processus (taux d'insuline =0), afin d'augmenter la justesse de notre base.

Tableau III.2. Partie de 17 points de la base des données utilisées dans ce travail.

Expérience	Pregnancies	Glucose	Blood Pressure	Skin Thickness	Insulin	BMI	Diabetes Pedigree Function	Age	Outcome
01	1	89	66	23	94	28,1	0,167	21	0
07	0	118	84	47	230	45,8	0,551	31	1
14	13	145	82	19	110	22,2	0,245	57	0
20	9	171	110	24	240	45,4	0,721	54	1
29	2	141	58	34	128	25,4	0,699	24	0
89	8	181	68	36	495	30,1	0,615	60	1
99	6	103	72	32	190	37,7	0,324	55	0
112	0	117	80	31	53	45,2	0,089	24	0
120	0	165	90	33	680	52,3	0,427	23	0
150	2	120	76	37	105	39,7	0,215	29	0
170	9	152	78	34	171	34,2	0,893	33	1
177	1	125	50	40	167	33,3	0,962	28	1
180	5	189	64	33	325	31,2	0,583	29	1
219	5	189	64	33	325	31,2	0,583	29	1
245	8	126	74	38	75	25,9	0,162	39	0
310	7	150	78	29	126	35,2	0,692	54	1
332	0	179	50	36	159	37,8	0,455	22	1

III.2.2.2. Division de la base de données

La base de données utilisée dans ce travail pour l'optimisation de l'architecture de RNA a été divisée en trois sous-ensembles : la phase d'apprentissage (train), la phase de test (test), et la phase de validation (validation) selon les proportions suivante :

- 60%-20%-20%.
- 70%-15%-15%.
- 80%-10%-10%.

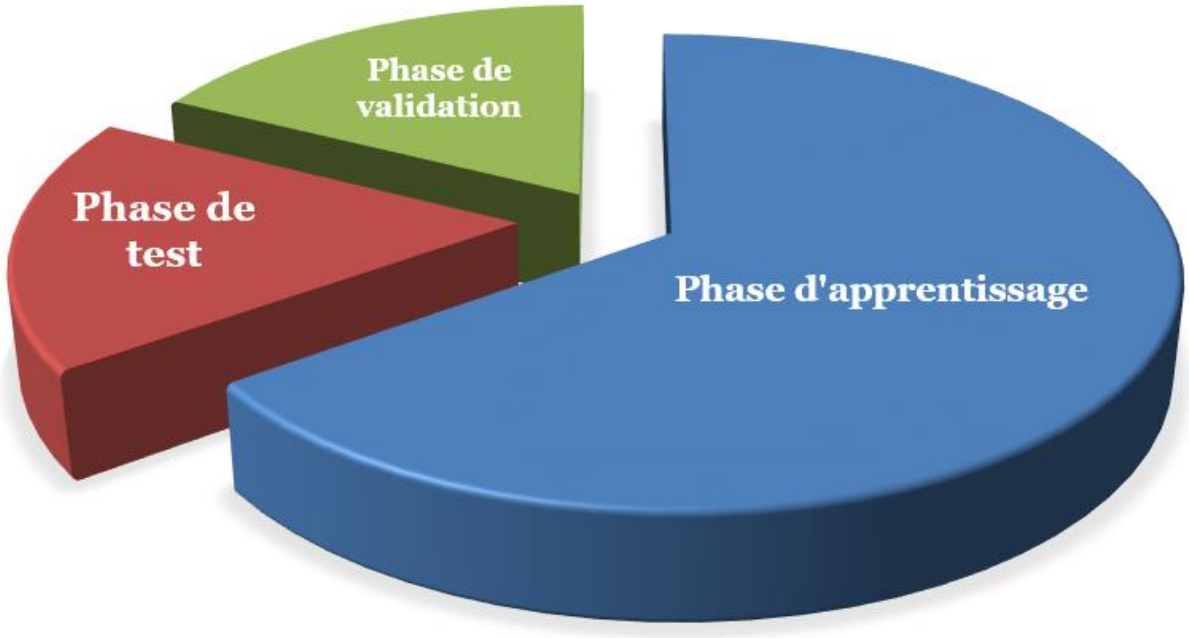


Figure III.2. Représentation de la division de la base.

III.2.2.3. Optimisation des architectures des RNA

L'optimisation des architectures des RNA de type perceptron multicouche (PMC), a été faite par le logiciel "STATISTICA", via les étapes suivantes :

- Pour le type de RNA, nous avons utilisé un RNA-PMC.
- L'algorithme Quasi Newton à propagation en arrière (Quasi Newton back propagation algorithme, plus précisément : Broyden-Fletcher-Goldfarb-Shanno algorithm **BFGS***)* a été employée comme algorithme d'apprentissage.
- Les fonctions d'activation sont effectuées en choisissant plusieurs types de fonctions dans la couche cachée et sortie. Par conséquent, à la fin de l'exécution, le logiciel donne la meilleure combinaison possible entre les deux fonctions d'activation de la couche concernée **(Figure III.3)**.
- Nous avons utilisé la somme des carrés (Sum of Squares SOS) et cross entropy en tant que fonction d'erreur.
- Concernant le nombre de couches cachées et vu qu'il existe une couche cachée dans le logiciel STATISTICA, version 7 et 8 (Stat Soft 2007), nous avons utilisé une seule couche cachée pour tous les modèles de RNA.
- Cependant, en ce qui concerne le nombre de neurones par couche cachée, nous avons généralement fait varier ce nombre de 2 à 25 neurones. Plusieurs exécutions ont été effectuées pour chaque paramètre afin d'obtenir les meilleurs modèles de type RNA.

L'exécution comporte un nombre important d'itérations : comprennent 500, 1000, 2000 et 3000.

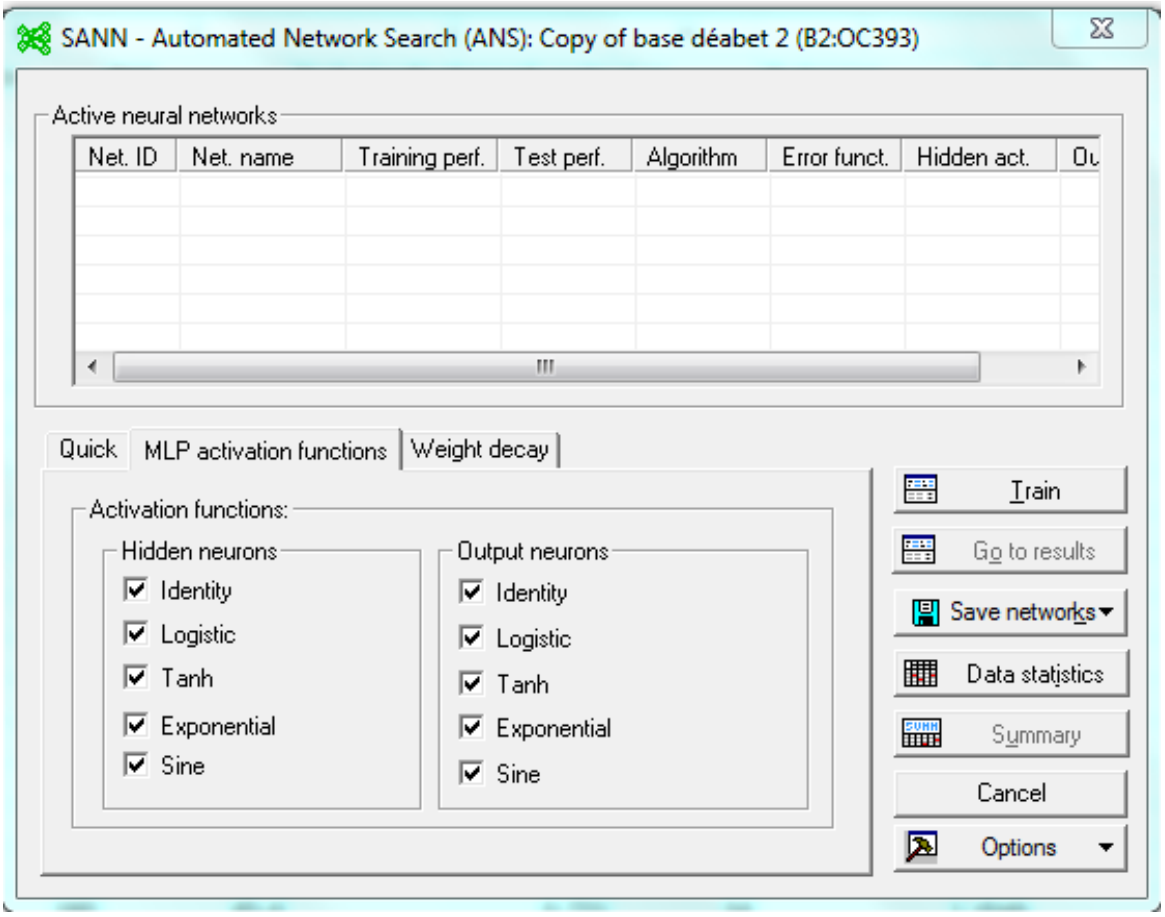


Figure III.3. Capture d'écran pour le choix des fonctions d'activation sur STATISTICA.

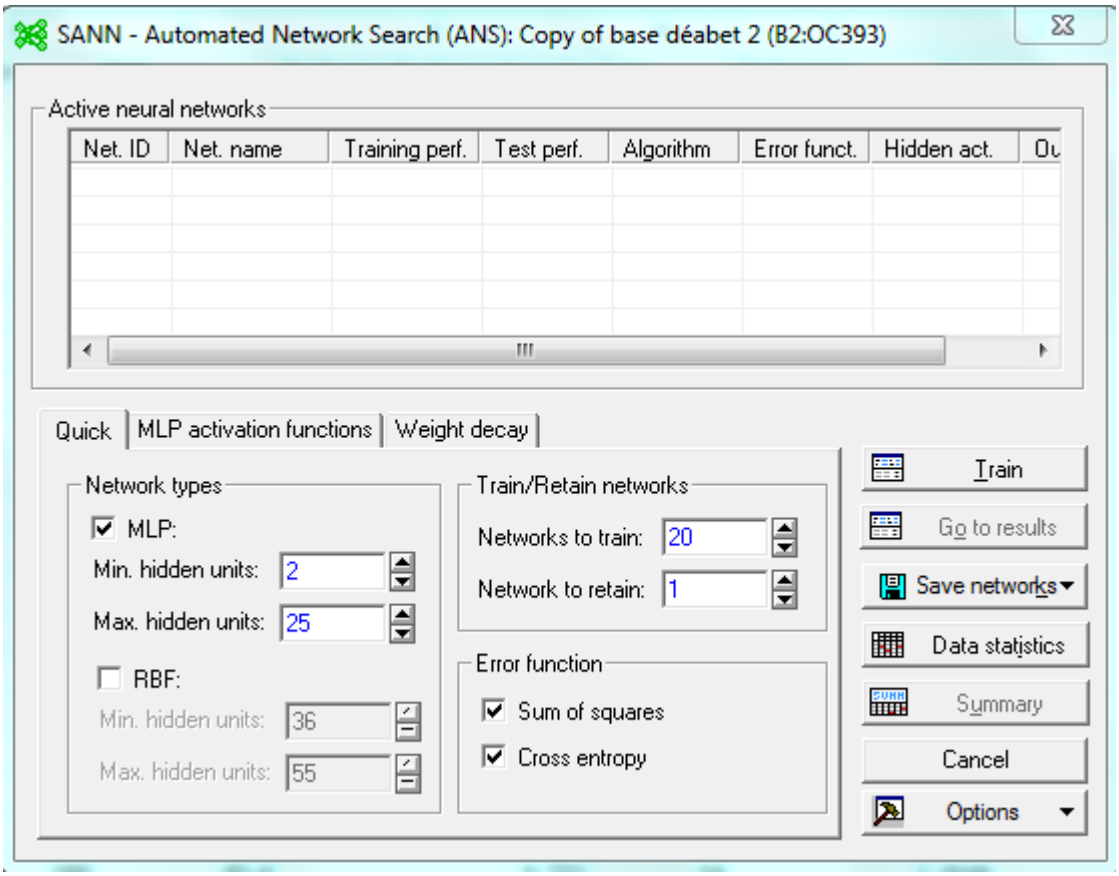


Figure III.4. Capture d'écran pour le choix de nombre de couches cachés.

III.2.2.4. Choix du meilleur modèle

Le choix du meilleur modèle repose sur une bonne performance pour la base globale, Ainsi que la performance dans les trois sous ensemble (Apprentissage, Test, validation) sont de même ordre, C'est-à-dire plus proche.

III.2.2.5. Paramètres de performance des modèles de RNA

Avant de choisir les paramètres de performance de notre modèle, il faut bien expliquer la source de ces paramètres qui est la matrice de confusion.

Cette dernière donne les valeurs de la certitude et l'incertitude du modèle pour les deux sortie diab et non diab (Comme montrant le **TableauIII.3)**.

- Si notre sortie est diab et le résultat obtenu diab ça comprend comme une vrai positive.
- Si notre sortie est diab et le résultat obtenu non diab ça comprend comme une faux positive.
- Si notre sortie est non diab et le résultat obtenu non diab ça comprend comme une vrai négative.

- Si notre sortie est non diab et le résultat obtenu diab ça comprend comme une faux négative.

TableauIII.3. Tableau représentent la matrice de confusion.

Catégorie prévue	Positive	Négative
Positive	vrai positive	Faux positive
Négative	Faux négative	Vrai négative

La performance et la précision des meilleurs modèles de RNA obtenus dans cette étude, ont été évaluées en termes des quatre types différents d'erreurs : Accuracy (A), Precision (P), Recall (R), F-Measure (Sisodia & Sisodia, 2018).

- Performance (Accuracy A) : Accuracy détermine la précision de l'algorithme dans la prédiction des instances.
- Précision (P) : L'exactitude/précision du classificateur est mesuré par la précision.
- Rappel (Recall R) : Pour mesurer l'exhaustivité ou la sensibilité des classificateurs, Recall est utilisé.
- F-Mesure : est la moyenne pondérée de la précision et du recall.

Les définitions mathématiques de chaque paramètre sont données par les formules suivantes :

$$A = (TP+TN) / (TP+TN+FN+FP) \quad \textbf{(III.1)}$$

$$P = TP / (TP+ FP) \quad \textbf{(III.2)}$$

$$R = TP / (TP+FN) \quad \textbf{(III.3)}$$

$$F = 2*(P*R) / (P+R) \quad \textbf{(III.4)}$$

Avec : TP : True positive=Vrai positive ; TN : True négative= Vrai négative ; FP : False positive= Faux positive et FN : False négative=Faux négative.

III.2.2.6. Critères de performances statistiques (Analyse et évaluation d'un modèle)

La fiabilité et la précision des modèles, développés à partir des méthodes d'intelligence artificielle, reposent sur divers indices statistiques. L'évaluation des modèles proposés dans cette étude a été organisée à l'aide de quatres critères de performances statistiques afin de tester le pouvoir prédictif. Les indices d'évaluation couramment utilisés comprennent l'erreur quadratique moyenne (MSE), la racine de l'erreur quadratique moyenne (RMSE), l'erreur quadratique moyenne normalisée (NRMSE), l'erreur moyenne absolue (MAE), sont donnés par les équations **(III.5)** à **(III.8)** : (El

bey et al., 2021a, 2021b; H. Bouzemlal et al., 2023; A. Ibrir et al., 2021a, 2021b; Abdellah Ibrir, 2022; Ibrir & Ouldkhaoua, 2017; Saïfour & Feddak, 2022; Moumen et al., 2023a, 2023b) .

$$MSE = \frac{1}{n} * \sum_{i=1}^{n} (Y - Y_{cal})^2 \quad \textbf{(III.5)}$$

$$RMSE = \sqrt{\frac{1}{n} * \sum_{i=1}^{n} (Y_{cal} - Y)^2} \quad \textbf{(III.6)}$$

$$NRMSE = \sqrt{\frac{n \sum_{i=1}^{n} (Y - Y_{cal})^2}{\left(\sum_{i=1}^{n} Y\right)^2}} \quad \textbf{(III.7)}$$

$$MAE = \frac{1}{n} * \sum_{i=1}^{n} |Y_{cal} - Y| \quad \textbf{(III.8)}$$

Où Y sont les données observées, , Y_{cal} sont les valeurs calculées et "n" est le nombre des données.

III.2.2.7. Analyse de sensibilité

L'analyse de sensibilité est un outil important pour l'évaluation systématique des modèles mathématiques. L'analyse de sensibilité peut être utilisée à diverses fins, notamment la validation du modèle, l'évaluation du comportement des différentes variables du modèle et la confirmation du choix des variables du modèle à l'aide de la détermination de la contribution de chaque variable choisie sur le modèle (ROUBHIE FISSA, 2021). De ce fait, il est donc important d'utiliser cette analyse dans notre travail.

Le RNAO a fourni une matrice de poids de connexion, les poids étant des coefficients relatifs aux neurones artificiels et analogues aux forces synaptiques entre les axones et les dendrites dans de vrais neurones biologiques. La matrice des poids issue du RNAO peut être utilisée pour analyser la sensibilité des entrées par rapport à la sortie désirée.

Garson (Garson 1991) a proposé une équation basée sur le partitionnementdes poids de connexion .

Le RNAO a fourni une matrice de poids de connexion, les poids sont des coefficients relatifs aux neurones artificiels, sont analogues aux forces synapses entre les axones et les dendrites dans de vrais neurones biologiques. La matrice des poids issue du RNAO peut être utilisée pour analyser la sensibilité des entrées par rapport à la sortie désirée.

$$I_j = \frac{\sum_{m=1}^{m=N_h}\left(\frac{abs(W_{jm}^{ih})}{\sum_{k=1}^{N_i} abs(W_{km}^{ih})}\right) * abs(W_{mn}^{h0}))}{\sum_{k=1}^{k=N_i}\left(\sum_{m=1}^{m=N_h}\left(\frac{abs(W_{km}^{ih})}{\sum_{k=1}^{N_i} abs(W_{km}^{ih})}\right) * (abs(W_{mn}^{h0}))\right)} \quad \textbf{(III.9)}$$

Avec :

I_j : la sensibilité relative de la j-ième variable d'entrée sur la variable de sortie ;

N_i et N_h : le nombre de neurones d'entrée et cachés, respectivement ;

Ws : les poids de connexion ;

i, h et *o* : les exposants faisant référence à la couche d'entrée, cachée et de sortie, respectivement;

k, m, n : les indices faisant référence à la couche d'entrée, cachée et de sortie, respectivement.

III.2.3. Fonction d'activation

Les fonctions d'activation sont des piliers indispensable pour la construction de l'expression mathématique du modèle RNA,on obtient deux fonctions d'activation, une fonction relie entre l'entré et la couche caché et l'autres pour relier entre la couche caché et la sortie.

Les définitions mathématiques des fonctions d'activations apparues dans cette étude sont données dans le **tableauIII.4.**

TableauIII.4. Fonctions d'activations(ROUBHIE FISSA, 2021).

Fonctions d'activation	**Exponentielle**	**Tangent Hyperbolique**	**Sinus**	**Sigmoïde Logarithmique**
Notations dans STATISTICA	Exponential	Tanh	Sine	Logistic
Notations dans Matlab	Exp	tanh	sin	logsig

Formules Mathématiques	$a = e^{-n}$	$a = \frac{e^{+n} - e^{-n}}{e^{+n} + e^{-n}}$	$a = \sin n$	$a = \frac{1}{1 + e^{-n}}$

III.3. Résultat et Discussion

III.3.1. Architectures des modèles neuronaux obtenus

Les résultats de l'optimisation des architectures des RNA utilisées pour chaque division sont résumés dans le tableau suivant :

Tableau III.5. Les résultats de l'optimisation des architectures des RNA.

Division	**Itération**	**RN Optimale**	**PERFORMANCE**	**Accuracy**	**Fonction D'erreur**	**Fonction de Transfert CC**	**Fonction de Transfert CS**
60/20/20	500	MLP 8-3-2	App=84,32 Test=88,46 Valid=75,64	83,41	Entropy	Logistic	Softmax
	1000	MLP 8-9-2	App=82,62 Test=88,46 Valid=76,92	82,65	Entropy	Tanh	Softmax
	2000	MLP 8-8-2	App=83,47 Test=88,46 Valid=76,92	83,16	SOS	Logistic	Exponential
	3000	MLP 8-11-2	App=83,47 Test=74,35 Valid=78,20	83,67	SOS	Tanh	Sine
70/15/15	500	MLP 8-6-2	App=87,68 Test=89,65 Valid=74,13	85.96	Entropy	Logistic	Softmax

	1000	MLP 8-8-2	App=88,40 Test=87,93 Valid=72,41	85.96	Entropy	Logistic	Softmax
	2000	MLP 8-7-2	App=88,76 Test=89,65 Valid=68,96	85.96	Entropy	Tanh	Softmax
	3000	MLP 8-13-2	App=88,76 Test=89,65 Valid=79,31	87.5	Entropy	Logistic	Softmax
80/10/10	500	MLP 8-7-2	App=85,35 Test=84,61 Valid=79,48	84.69	Entropy	Logistic	Softmax
	1000	MLP 8-20-2	App=84,71 Test=84,61 Valid=79,48	84.18	SOS	Exponential	Logistic
	2000	MLP 8-19-2	App=77,70 Test=84,61 Valid=79,48	78.57	Entropy	Identity	Softmax
	3000	MLP 8-20-2	App=84,39 Test=87,17 Valid=82,05	84.43	SOS	Exponential	Logistic

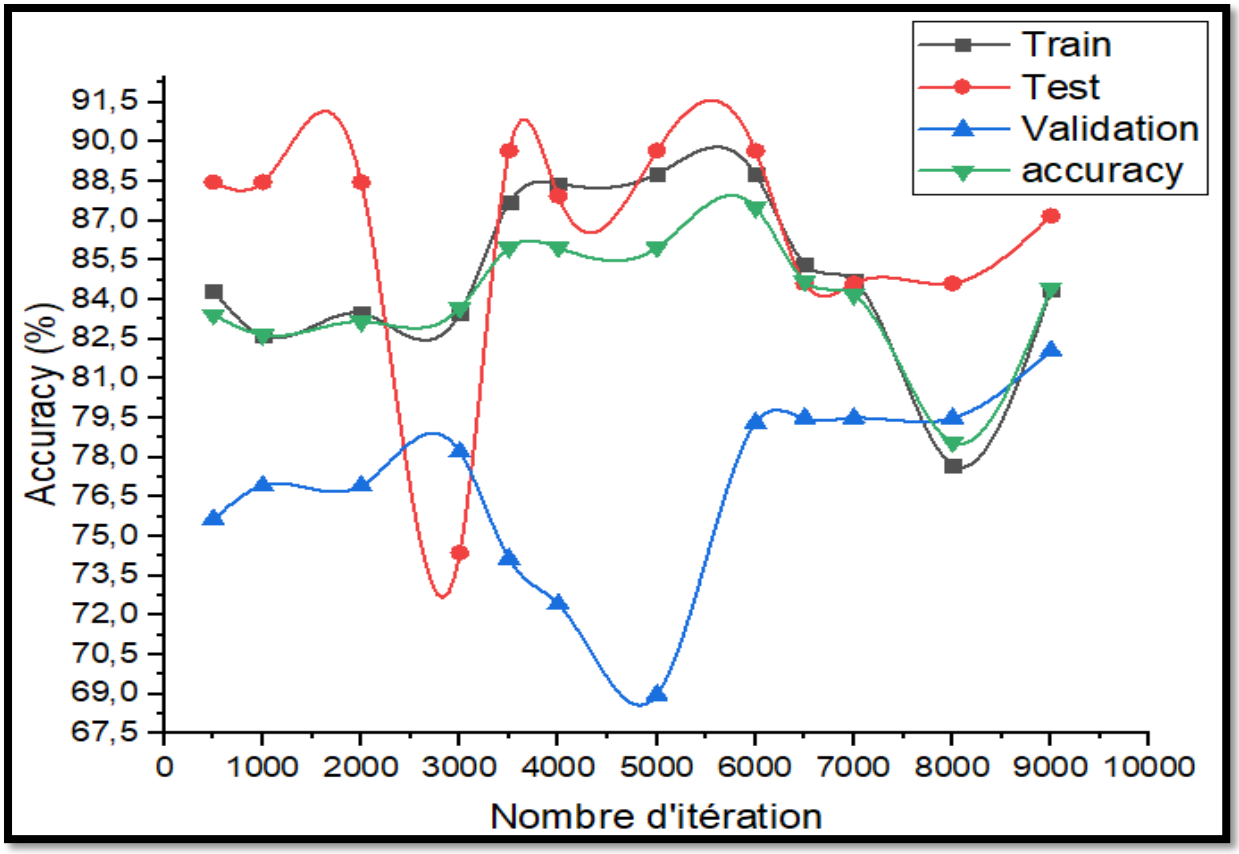


Figure III.5. Représentation graphique des trois divisions**.**

III.3.2 Architectures du meilleur modèle

Après toutes les étapes effectuées dans ce travail, ainsi que les résultats de performance obtenus selon le **Tableau III.4 et la Figure III.5,** un seul meilleur modèle (Eq. III.10 ; Eq.III.11. Eq.III.12) a été sélectionné pour la prédiction de la maladie du diabète.

Tableau III.6. Tableau représentant le meilleur modèle.

Division	**Itération**	**Algorithme d'apprentissage**	**RN Optimale**	**PERFORMANCE**	**Accuracy**	**Fonction D'erreur**	**Fonction de Transfert CC**	**Fonction de Transfert CS**
80/10/10	3000	BFGS -27	MLP 8-20-2	App=84,39 Test=87,17 Valid=82,05	84.43	SOS	Exponential	Logistic

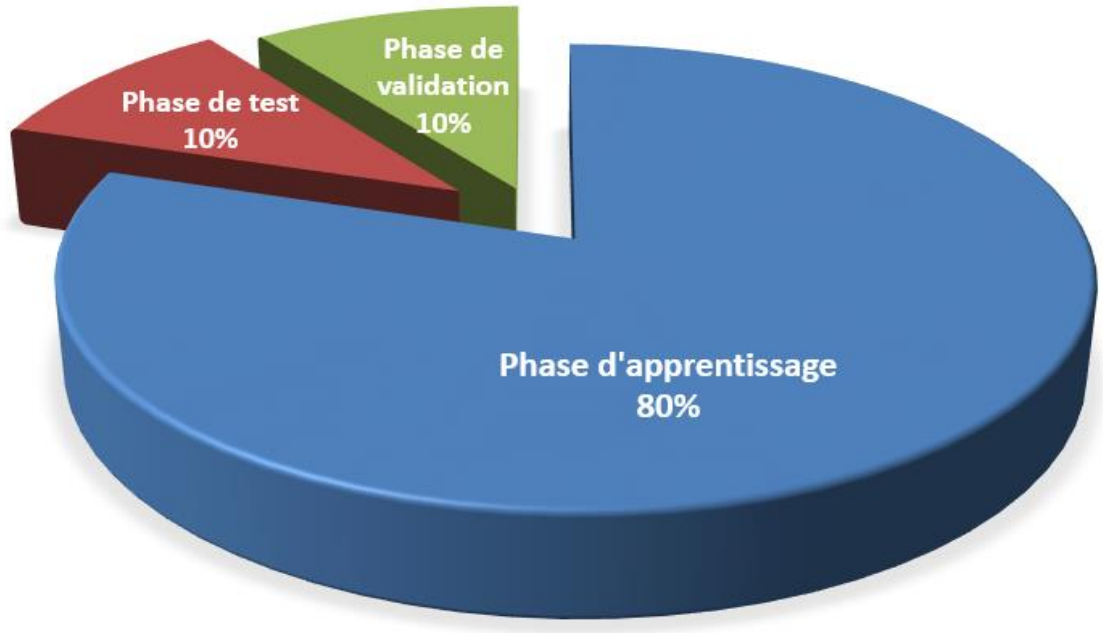


Figure III.6.représentation de la division de la base du meilleure modèle.

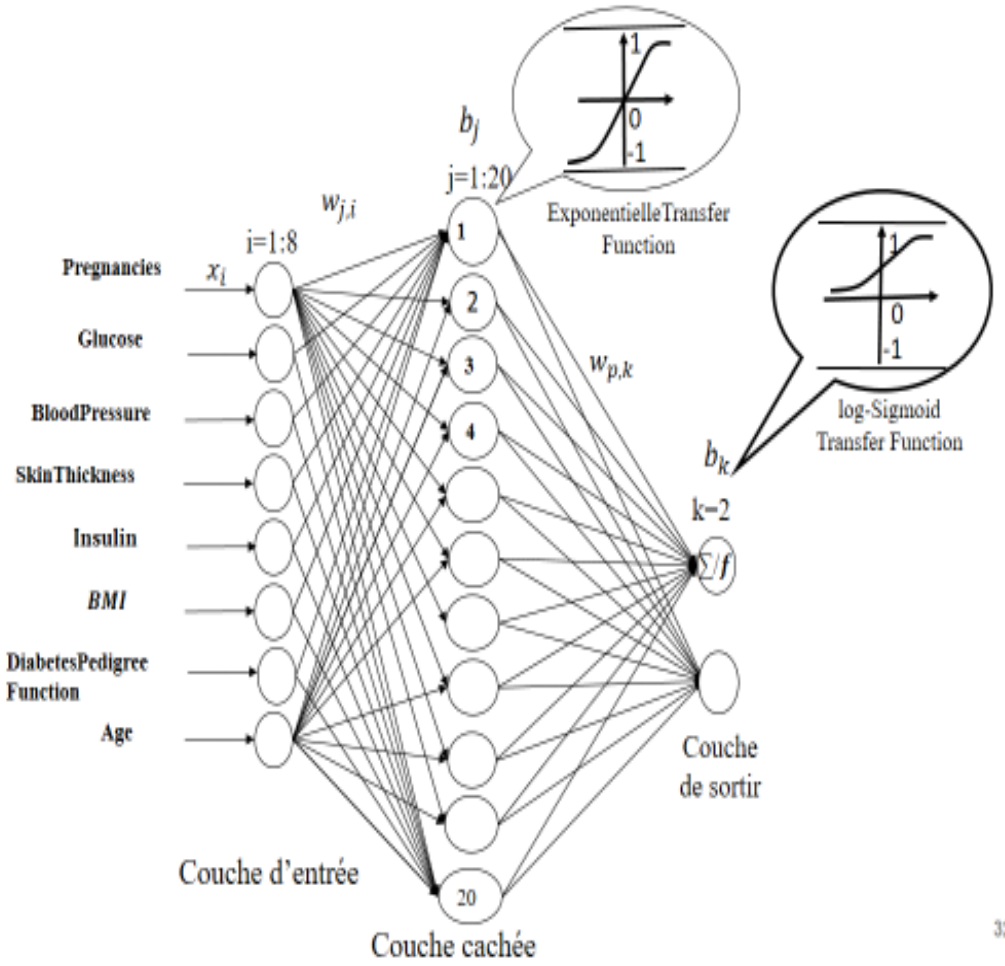


Figure III.7. Représentation de l'architecture du modèle obtenue**.**

Comme indiqué dans le **Tableau III.6,** le meilleur modèle conçue et optimisé possède un bon résultat de performance pour la classification, ainsi que des valeurs de performance concernant les trois sous-ensembles (apprentissage, test et validation) proche l'une sur l'autre et tend vers le 100%.

III.3.3. Estimation des paramètres du meilleur modèle de RNA obtenu

Pour mesurer les paramètres de performance (Accuracy(A), Precision(P), Recall(R), F-Measure) de notre modèle il faut faire un retour au matrice de confusion afin de définir les (TP,TF,FP,FN).

Predicted category	Outcome (Confusion matrix) (Cop Samples: Train, Test, Validation	
	Outcome-diab	Outcome-none
1.MLP 8-20-2-diab	100	31
1.MLP 8-20-2-none	30	231

Figure III.8. Capture d'écran de la matrice de confusion du meilleur modèle.

Donc : **TP**=100 /**FP**=31 / **FN**=30 / **TN**=231

Tableau III.7. Tableau représentant les paramètres de performance du meilleur modèle.

Paramètre	**Expression**	**Valeur**
Performance (A) **A=(TP+TN)/ (TP+TN+FN+FP)**	$A = \frac{100 + 231}{100 + 231 + 31 + 30}$	**A=0,84** **A=84%**
Précision (P) **P = TP / (TP+ FP)**	$P = \frac{100}{100 + 31}$	**P=0,76** **P=76%**
Rappel (R) **R =TP / (TP+FN)**	$R = \frac{100}{100 + 30}$	**R=0,77** **R=77%**

F-Mesure **F=2*(P*R) / (P+R)**	$$F = \frac{2 * 0.76 * 0.77}{0.76 + 0.77}$$	**F=0,76** **F=76%**

III.3.4. Etude statistiques et l'estimation des critères de performances statistiques (Analyse et évaluation d'un modèle)

La relation entre la maladie du diabète et les conditions de vie sont associés les uns aux autres dans une relation complexe. Par conséquent, les données d'entrée du modèle doivent être déterminées au départ. Dans cette modélisation, la méthode d'analyse de corrélation, terme désignant les significations d'une relation entre deux ou plusieurs variables, est appliquée pour définir la structure d'entrée. Les résultats de l'analyse de corrélation des variables d'entrée sont présentés dans **la figure A.III.1.** Il montre que toutes les variables ont une faible corrélation mutuelle. Par conséquent, les variables physiques, à savoir Prégnances, Glucose, Blood Pressure, SkinThickness, Insuline, BMI, Diabètes Pedigree Function et l'Age sont choisies comme variables d'entrée. L'estimation des erreurs présentées dans les Eq (**III.5, III.6, III.7, III.8**) sont résumé dans le **TABLEAU III. 8.** on a obtenue des erreurs proches de zéro démontrant ainsi la robustesse de notre modèle neuronale obtenu.

Tableau III.8. Tableau représentant les critères de performances statistiques.

Critère	Valeur
MSE	0.0026
RMSE	0.0505
NRMSE	0.1523
MAE	0.1556

III.3.5. Estimation de la contribution des entrées sur les sorties (analyse de sensibilité)

Comme nous allons mentionner précédemment dans la partie matériels et méthodes, nous allons utiliser la méthode d'analyse de sensibilité au poids, pour apprécier la contribution des entrée sur notre modèle, et déterminant l'impact de chaque entrée individuel sur les deux sorties du modèle PMC-RNA.

Les contributions de l'entrée pertinente sur notre modèle ont été établies et illustrées sur la **Figure III.9.**

On a obtenu un impact des entrées identiques sur les deux sorties, ça veut pas dire que toujours l'impact des entrées est le même sur tous les sorties dans le cas de classification mais pour notre étude on a obtenu le même.

Tableau III.9. Poids et biais du meilleur modèle.

Vecteur des biais

$W_{i,1}$	$W_{i,2}$	$W_{i,3}$	$W_{i,4}$	$W_{i,5}$	$W_{i,6}$	$W_{i,7}$	$W_{i,8}$	b_j
-1,93992	3,96569	-1,53462	-1,23446	-1,71394	-1,29767	-0,55164	-1,88600	0,60814
-4,40581	-0,72521	-3,32309	-0,75168	-2,65952	-1,06437	-1,46597	-1,63788	-1,42708
-0,91830	-1,29477	-0,71956	-1,02603	-0,56278	-0,93030	-0,36042	-1,27065	0,68729
-1,91282	-9,83044	-1,24313	-1,78979	-0,59220	-1,97511	-0,65245	-2,79760	0,12047
-1,70854	-3,16255	-1,23838	-0,23662	-0,92641	-1,36746	-0,51955	-2,19129	-0,67623
-1,63757	-7,04097	-0,95145	-2,06172	-0,06028	-2,73458	-0,59030	-4,83519	-0,25096
-0,96045	-1,59469	-0,90961	-1,37948	-1,04936	-0,61009	-0,33725	-1,08269	2,20728
-2,58933	-2,72703	-1,84940	-1,94637	-1,57534	-0,91817	-0,82287	-1,89805	-0,56390
5,10067	-2,72590	-0,07124	-0,85385	-0,35773	-1,02553	-1,79506	-1,85809	0,97424
-0,83987	-2,26290	-4,43337	-2,14168	-2,74058	-0,76174	-3,98801	-1,63923	0,46989
-0,36827	-1,78066	-1,12239	-0,04224	-1,99706	-0,76954	-0,89642	-1,20351	-0,68858
1,74374	-3,94434	2,81355	-1,18388	-3,04303	-1,45790	-1,57351	-2,71453	2,25904
5,98737	-1,65084	-5,33961	-3,45702	-1,26143	-0,47643	-1,55949	-1,69076	-0,14147
0,24832	-2,82102	-3,86158	0,36948	-3,40444	-1,87393	-1,28673	-3,45385	-0,22551
1,72114	-0,59097	-3,34676	1,34097	0,48049	-0,68808	-1,04227	-0,79336	-0,06195
-2,12923	-0,81849	4,88358	-2,00262	-1,50957	-1,11798	-2,25042	-1,23711	-0,07177
1,10194	-1,07946	-1,65064	-1,12341	-1,62650	-0,70915	-2,22703	-1,27966	-0,04291
-2,59271	-0,36549	-3,19761	-0,03568	-3,49307	-1,04287	-4,97671	-0,91490	-0,06477
2,77078	-1,03958	-0,76787	-0,70837	-0,75112	-0,34430	-1,13968	-0,97911	0,05492
-1,62274	-1,61471	-1,13392	-0,51519	-1,33448	-1,06334	-1,93748	-1,89900	-0,44549

poids	**1**	**2**	**3**	**4**	**5**	**6**	**7**
$W_{m,1}$	-2,40150	-4,02014	3,07272	-1,68525	-2,72454	3,50623	0,66765
$W_{m,2}$	0,39770	-0,67246	0,92221	2,56033	1,84692	-5,42641	0,60759

poids	8	9	10	11	12	13	14	15
$W_{m,1}$	-0,64782	0,04541	-0,42643	2,68262	4,12694	-2,88851	1,53890	2,73154
$W_{m,2}$	-0,08919	0,38237	2,03195	-0,41997	0,94904	-0,68739	-2,37359	-2,25090

poids	16	17	18	19	20	Vecteur des biais (b_k)
$W_{m,1}$	-3,32039	-0,43926	0,43201	0,22184	0,67971	0,67971
$W_{m,2}$	5,54563	-0,48347	-0,31872	-0,10262	-1,79294	-1,79294

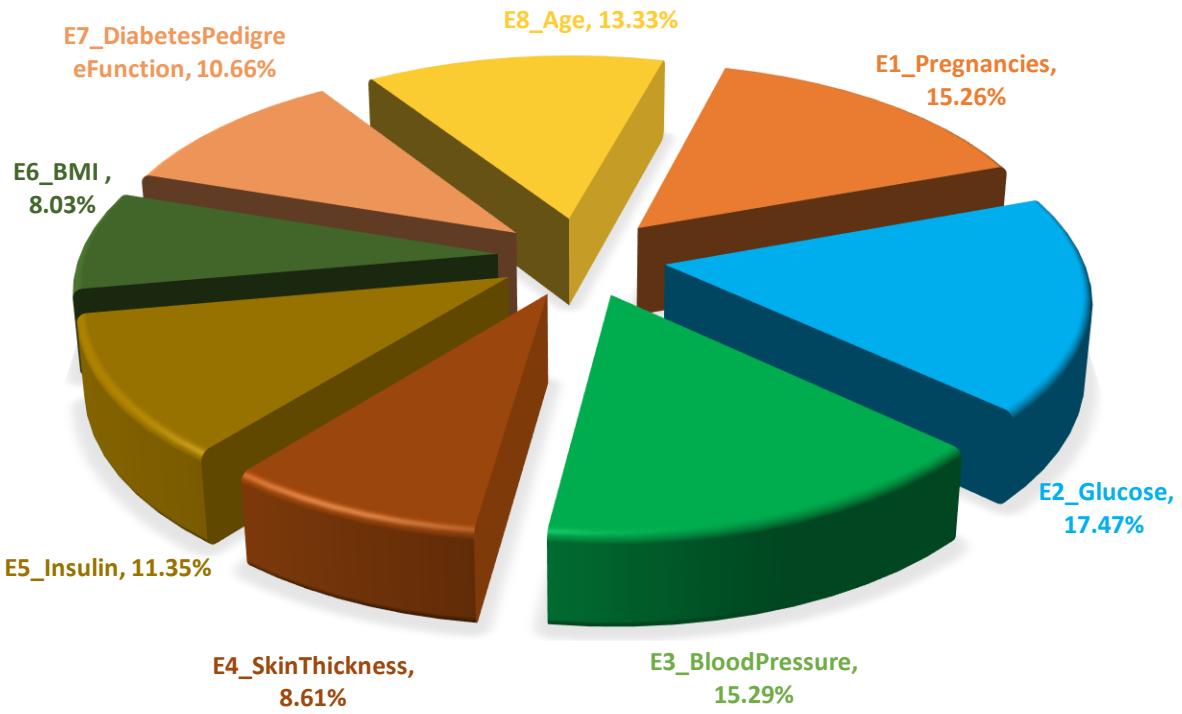


Figure III.9. L'impact des entrées sur les deux sorties.

L'importance des paramètres d'entrée utilisée pour la prédiction du diabète est illustrée dans la **Figure III.9**. Nous constatons que tous les paramètres ont approximativement le même effet et la contribution la plus élevée est celle du Glucose (17,47%).

Les résultats prouvent que tous les paramètres d'entrée sélectionnés dans cette étude ont des effets cruciaux sur la prédiction du diabète et ont été sélectionnés de manière appropriée.

III.3.6.Application des expressions mathématiques des modèles RNA

Les expressions mathématiques des sorties (***Zj***) de la couche cachée et (***S***) de la couche de sortie de chaque paramètre sont données par les équations ci-après :

$$\boldsymbol{Z_j = f^H\left[\sum_{i=1}^{8} w_{ij}^{i} * x_i + b_j^H\right] = e^{-\left[\sum_{i=1}^{8} w_{ij}^{i} * x_i + b_j^H\right]}} \quad \textbf{(III.10)}$$

$$\boldsymbol{S_1 = \frac{1}{1+ e^{-\left[\sum_{j=1}^{20} w_{1j}^{H} * \left(e^{-\left[\sum_{i=1}^{8} w_{ij}^{i} * x_i + b_j^H\right]}\right) + b_1^{out}\right]}}} \quad \textbf{(III.11)}$$

$$\boldsymbol{S_2 = \frac{1}{1+ e^{-\left[\sum_{j=1}^{20} w_{0j}^{H} * \left(e^{-\left[\sum_{i=1}^{8} w_{ij}^{i} * x_i + b_j^H\right]}\right) + b_0^{out}\right]}}} \quad \textbf{(III.12)}$$

Chaque neurone caché calcule la fonction d'activation, en envoyant des résultats (***Z***; *j* =1 à 20 pour chaque modèle) au neurone de la couche de sortie, qui donne finalement la réponse du réseau (***S***). Le signal de sortie de chaque neurone caché (***Zj***) est calculé par les équations

III.3.7. Comparaison du modèle obtenu avec d'autres modèle

Pour plus d'appréciation de notre modèles de type PMC-RNA d'algorithme BFGS-27 développés dans notre travail, et afin de connaître l'importance de leurs résultats obtenus, nous allons essayer de trouver des études analogues présentant une grande similarité pour faire une comparaison systématique.

Nous allons trouver une étude analogue de même thème utilisant d'autres algorithmes (SVM, DECISION TREE) (Sisodia & Sisodia, 2018).

Les résultats de comparaison de chaque modèle sont montrés en détails dans les **Figure III.10 , Figure III.11 , Figure III.12 , Figure III.13.**

Comme prévu, la précision de notre modèle du type PMC-RNA (algorithme BFGS-27) est meilleure conformément aux d'autres algorithmes (SVM, DECISION TREE).

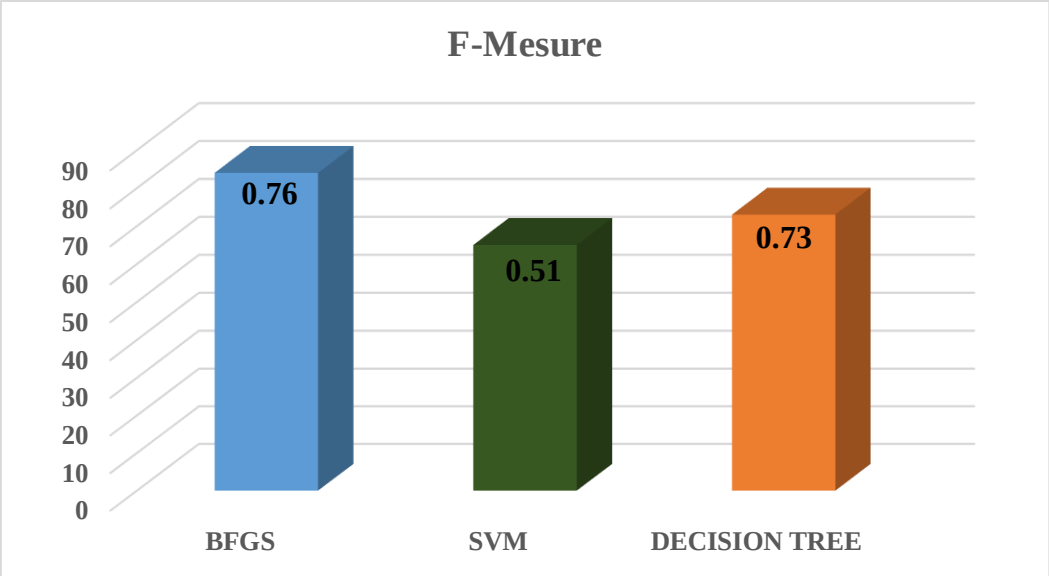


Figure III.10. Comparaison de paramètre F-MEASURE.

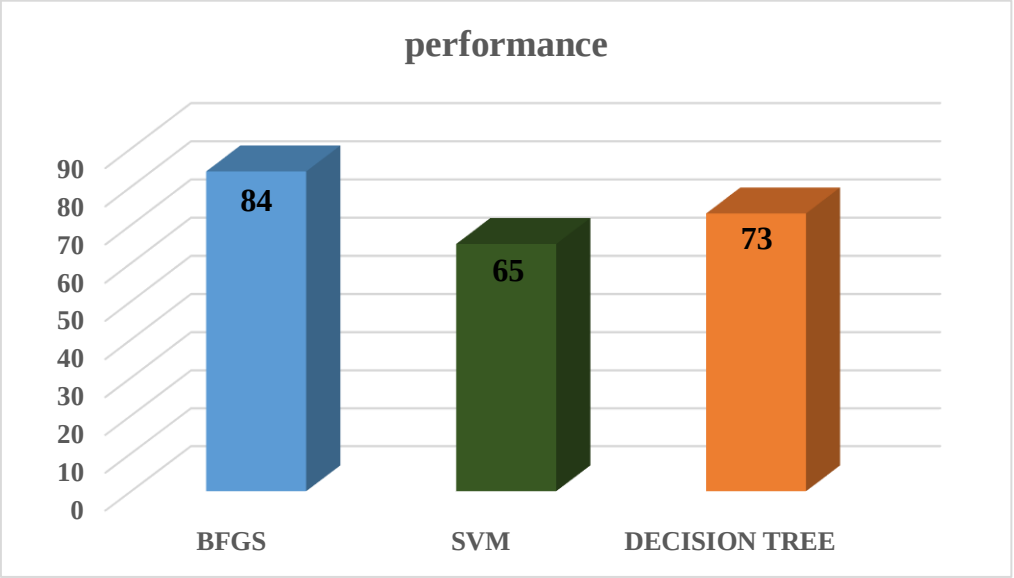


Figure III.11. Comparaison de paramètre performance.

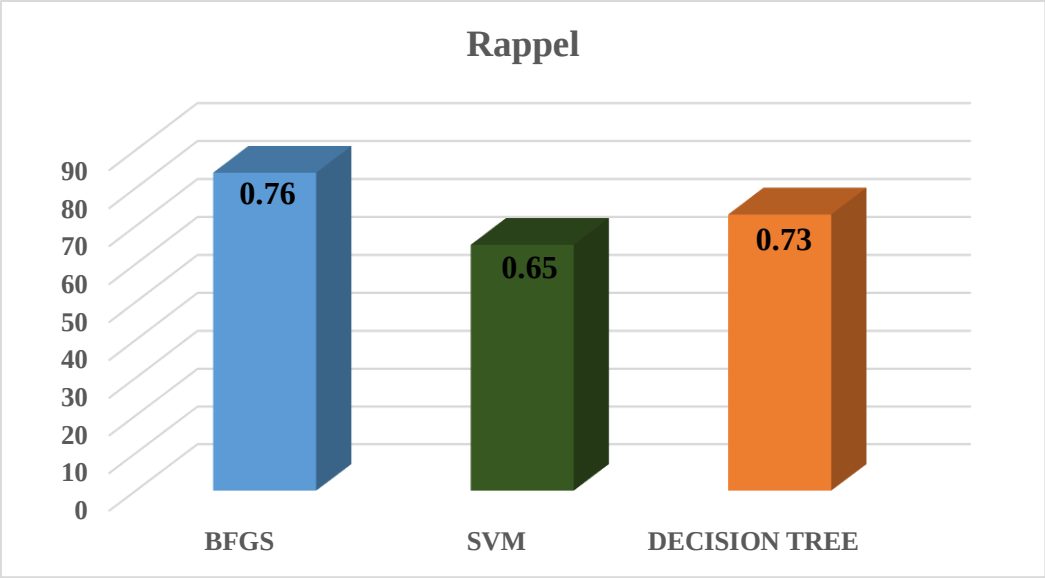


Figure III.12. Comparaison de paramètre rappel .

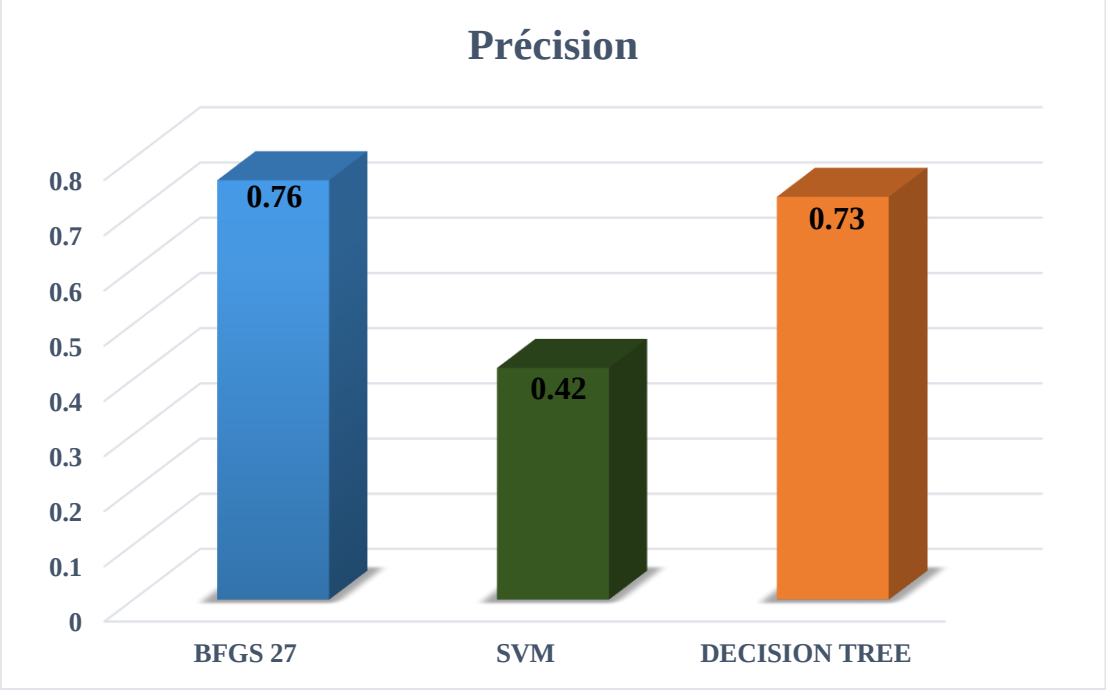


Figure III.13. Comparaison de paramètre précision.

III.4. Conclusion

Nous avons présenté dans ce chapitre l'ensemble des travaux de prédiction neuronale du diabète. Commençant par une partie présente les matériels et méthodes utilisés lors du développement de modèle de type PMC-RNA en décrivant les différentes étapes : logiciels utilisées et méthodologie de modélisation.

Dans la seconde partie de ce chapitre, nous exposons les résultats obtenus par le modèle de type PMC-RNA développé, afin de prédire la maladie du diabète : les architectures et les résultats des meilleures modèles obtenus, puis le choix de modèle et l'estimation de leurs paramètres (performance, précision, rappel, F-Mesure) et leurs erreurs (MSE , RMSE, NRMSE, MAE) et l'analyse de sensibilité des paramètres d'entrée sur la sortie.

Les résultats de l'analyse de la performance du meilleur modèle développée ont montré la précision de notre travail dans la prédiction du diabète, confirmé par les valeurs des erreurs calculées (MSE, RMSE) très proche de zéro.

Bibliographie

- El Bey, M., Laidi, M., Yettou, A., Hanini, S., Ibrir, A., Hentabli, M., & Ouldkhaouaa, H. (2021a). Practical Artificial Neural Network Tool For Predicting The Competitive Adsorption Of Dyes On Gemini Polymeric Nanoarchitecture. *Journal Of Chemists And Chemical Engineer*.
- El Bey, M., Laidi, M., Yettou, A., Hanini, S., Ibrir, A., Hentabli, M., & Ouldkhaouaa, H. (2021b). Praktični Alat Umjetne Neuronske Mreže Za Predviđanje Kompetitivne Adsorpcije Bojila Na Polimernoj Nanoarhitekturi Gemini. *Journal Of Chemists And Chemical Engineers*.
- H. Bouzemlal, M. Boumahdi, S.Hanini, M. Laidi, A.Ibrir, M. Roubehie Fissa, N. B. (2023). New Method Of Prediction Of Climatic Conditions By Artificial Neural Networks (Case Of The Province Of Médéa). *Algerian Journal Of Environmental Science And Technology*.
- Hamadache, M., Benkortbi, O., Hanini, S., & Amrane, A. (2016). A Quantitative Structure Activity Relationship For Acute Oral Toxicity Of Pesticides On Rats : Validation , Domain Of Application And Prediction. *Journal Of Hazardous Materials*.
- Ibrir, A, Kerchich, Y., Hadidi, N., & Rebhi, R. (2021). Evvaluation And Prediction Of The Effects Of The Dispersion Of (Vocs) On The Population In Urban Air Using ANSYS CFX. *Algerian Journal Of Environmental Science And Technology*.
- Ibrir, Abdellah. (2022). *Contribution À L'Étude En Trois Dimensions (3D) De La Dispersion D'Un Polluant Gazeux Dans Un Milieu Urbain*. Yahia Fares De Medea Algerir.
- Ibrir, Abdellah, Kerchich, Y., Hadidi, N., Merabet, H., & Hentabli, M. (2021). Prediction Of The Concentrations Of PM1, PM2.5, PM4, And PM10 By Using The Hybrid Dragonfly-SVM Algorithm. *Air Quality, Atmosphere And Health*.
- Ibrir, Abdellah, & Ouldkhaoua, H. (2017). *Modélisation Neuronale Et Empirique De L'adsorption D'un Système Multi Composants*. Yahia Fares De Medea.Moumen, R., Laidi, M., Hanini, S., Hentabli, M., & Ibrir, A. (2023). Multicomponent Adsorption Capacity Forecasting Based On Support Vector Machine With Dragonfly Algorithm. *Original Scientific Paper*.
- Roubhie Fissa. (2021). *Estimation De Quelques Propriétés Physico-Chimiques Des Hydrocarbures En Fonction De Leurs Propriétés (RQSP) En Utilisant La Méthode De Réseaux De Neurone Artificiel (RNA)*.
- Sisodia, D., & Sisodia, D. S. (2018). Sciencedirect Prediction Of Diabetes Using Classification Algorithms. *Procedia Computer Science*.
- Garson, G. D. (1991). Interpreting Neural-Network Connection Weights. *AI Expert*.
- Khadidja, S., & Feddak, F. (2022). *Utilisation D'une Méthode D'intelligence Artificielle Pour La Modélisation D'un Procédé De Traitement Des Eaux*. Yahia Fares De Medea.
- Moumen, R., Laidi, M., Hanini, S., Hentabli, M., & Ibrir, A. (2023a). Multicomponent Adsorption Capacity Forecasting Based On Support Vector Machine With Dragonfly Algorithm. *Journal Of Chemists And Chemical Engineers Of Croatia*.
- Moumen, R., Laidi, M., Hanini, S., Hentabli, M., & Ibrir, A. (2023b). Predviđanje Kapaciteta Višekomponentne Adsorpcije Metodom Potpornih Vektora Uz Algoritam Dragonfly. *Journal Of Chemists And Chemical Engineers Of Croatia*.
- ROUBHIE FISSA. (2021). *Estimation De Quelques Propriétés Physico-Chimiques Des Hydrocarbures En Fonction De Leurs Propriétés (RQSP) En Utilisant La Méthode De Réseaux De Neurone Artificiel (RNA)*.
- Sisodia, D., & Sisodia, D. S. (2018). Sciencedirect Prediction Of Diabetes Using Classification Algorithms. *Procedia Computer Science*.

- https://Github.Com/Duffy617/PIMA-Indian-Diabetespredictions/Blob/Master/Diabetes.Csv (Consulté 18 Mars 2023)

Conclusion générale & perspective

L'un des problèmes médicaux importants dans le monde réel est la détection du diabète à un stade précoce, dans cette étude des efforts systématiques sont déployés pour concevoir un système permettant de prédire la maladie du diabète.

L'objectif de ce projet de fin d'étude est de modéliser la prédiction du diabète en fonction du nombre de grossesse, taux de glucose, la pression artérielle, l'épaisseur de la peau, taux d'insuline, l'indice de masse corporelle BMI, fonction d'arbre généalogique du diabète et l'âge par réseau neurones artificiels (RNA).

Notre contribution a porté sur l'utilisation des réseaux de neurones artificiels pour la prédiction du diabète. pour cela, un seul modèle neuronal de type PMC-RNA est construit et optimisés dans le but de prédire l'évolution des paramètres difficilement mesurables en line. ce modèle neuronal est caractérisé par une structure : huit neurones dans la couche d'entrée, une couche cachée avec un nombre de 20 neurones optimisé au cours du processus d'apprentissage et deux neurones dans la couche de sortie. le meilleur modèle est de type PMC-RNA avec un algorithme d'apprentissage de type "BFGS", une analyse de sensibilité a été ensuite établie.

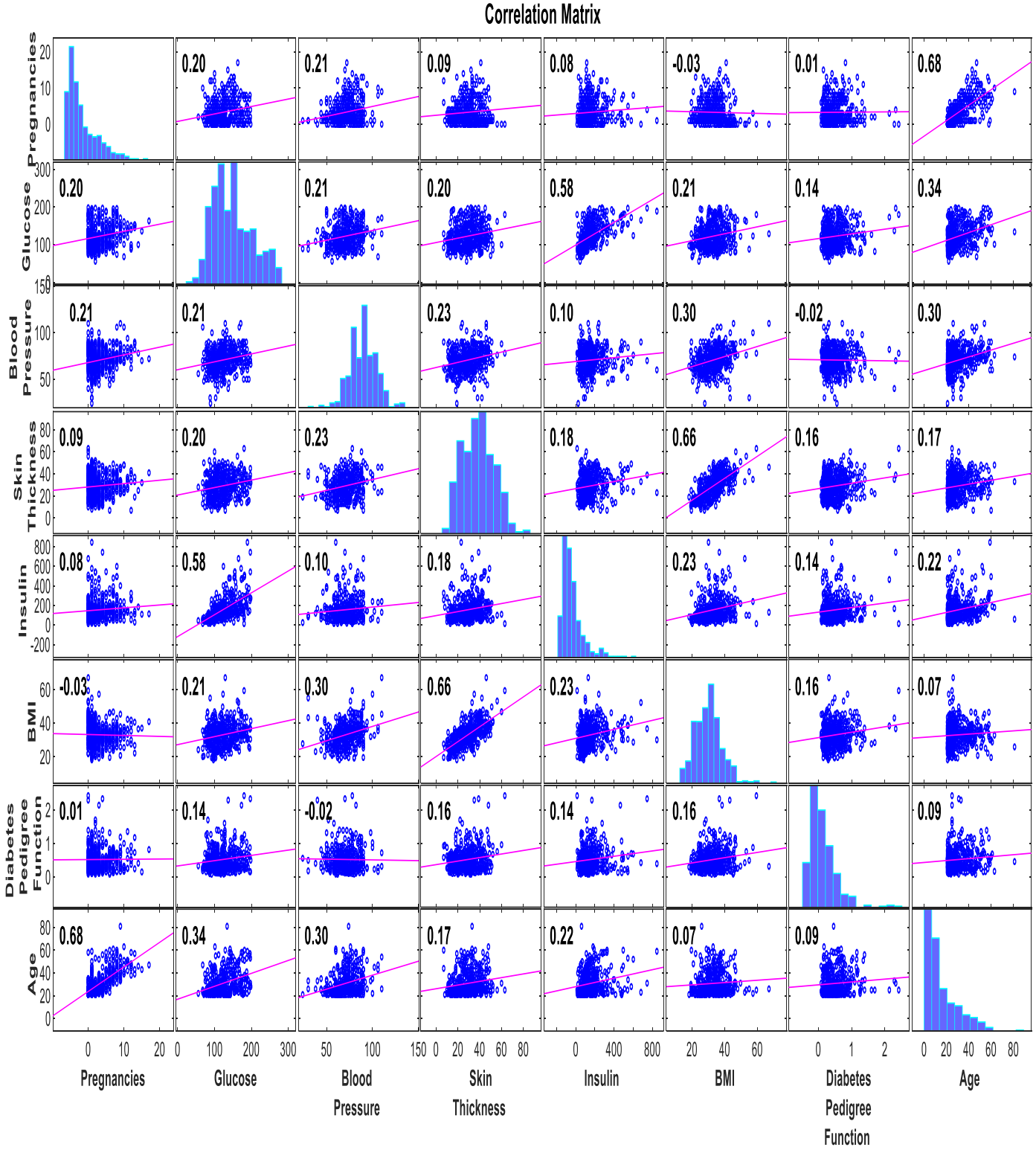
Selon les résultats obtenus, on trouve que le modèle développé était très intéressant, avec une bonne valeur de performance ainsi que des valeurs d'erreur calculées comprise entre (0.0026-0.1556), l'analyse de sensibilité a été aussi réalisée pour déterminer l'influence des paramètres d'entées sur la sortie, les résultats ont confirmé que la majorité des paramètres ont une grande contribution, ce qui confirme encore la qualité de ces paramètres.

Comme tout objectif principal de modélisation, le modèle de type PMC-RNA est conçu pour prédire différents paramètres dans différents domaines afin de réduire le temps, l'argent et les efforts utilisés à des fins expérimentales.

Nous envisageons en perspectives plusieurs pistes tel que :

- l'utilisation d'autres techniques d'intelligence artificielle ;
- le système conçu avec les algorithmes de classification d'apprentissage automatique utilisés pourra être utilisé pour prédire ou diagnostiquer d'autres maladies ;
- le travail peut être étendu et amélioré pour l'automatisation de l'analyse du diabète y compris d'autres algorithmes d'apprentissage automatique.

Annexe


Correlation Matrix
Pregnancies
Glucose
Blood Pressure
Skin Thickness
Insulin
BMI
Diabetes Pedigree Function
Age
0.20 0.21 0.09 0.08 -0.03 0.01 0.68
0.20 0.21 0.20 0.58 0.21 0.14 0.34
0.21 0.21 0.23 0.10 0.30 -0.02 0.30
0.09 0.20 0.23 0.18 0.66 0.16 0.17
0.08 0.58 0.10 0.18 0.23 0.14 0.22
-0.03 0.21 0.30 0.66 0.23 0.16 0.07
0.01 0.14 -0.02 0.16 0.14 0.16 0.09
0.68 0.34 0.30 0.17 0.22 0.07 0.09