

Ministère de l'enseignement Supérieur et de la recherche Scientifique

وزارة التعليم العالي والبحث العلمي

Badji Mokhtar Annaba University

Université Badji Mokhtar –

Annaba

Faculté de Technologie

Département d'Informatique



جامعة باجي مختار –
عنابة

كلية التكنولوجيا
قسم الاعلام
الألي

Thèse

Présentée pour l'Obtention du Diplôme de Doctorat en LMD

Doctorat

Spécialité : intelligence Artificielle

Par :

GASMI Safa

Thème :

Une approche hybride : Raisonnement à partir de cas et apprentissage profond appliquée aux données médicales

Soutenue le 14/01/2024 devant le jury composé de :

N°	Nom et prénom	Grade	Etablissement	Qualité
01	Azizi Nabiha	Pr	Université Badji Mokhtar –Annaba	Président
02	Djebbar Akila	MCA	Université Badji Mokhtar –Annaba	Rapporteur
03	Benmachiche Abdelmadjid	MCA	Université Chadli bendjedid -Tarf	Examineur
04	Maazouzi Faiz	MCA	Université Mohamed-Chérif Messaadia - Souk Ahras	Examineur
05	Hafidi Mohamed	Pr	Université Badji Mokhtar –Annaba	Examineur
06	Merouani Hayet Farida	Pr	Université Badji Mokhtar –Annaba	Invité

Remerciements

Avant tout, je remercie Allah le Tout Puissant de m'avoir doté de la force, de la patience et de la santé pour accomplir ce travail.

J'exprime ma profonde gratitude à ma directrice de thèse, Madame DJEBAR Akila, pour la confiance qu'elle m'a témoignée ainsi que pour ses précieux conseils et son soutien constant durant tout ce parcours doctoral. Ses remarques pertinentes et son regard critique ont été indispensables à l'approfondissement de ma réflexion.

Je remercie également la Professeure MEROUANI Hayet Farida pour ses encouragements et l'intérêt qu'elle a porté à mon travail, contribuant ainsi à enrichir ma recherche.

J'exprime ma gratitude à tous les membres du jury, qui m'ont fait l'honneur de participer à l'évaluation de ce travail. Leur expertise et leur temps consacré sont grandement appréciés.

Cette thèse est l'aboutissement de nombreuses années de travail durant lesquelles j'ai bénéficié du soutien et de l'assistance de plusieurs personnes.

A toutes et à tous : MERCI.

Résumé

Cette thèse développe des approches hybrides novatrices combinant le raisonnement à partir de cas (RàPC) et l'apprentissage profond pour deux problématiques cruciales de santé publique. L'objectif est de tirer parti des forces complémentaires de ces deux paradigmes de l'intelligence artificielle afin d'obtenir des solutions robustes, transparentes et personnalisées pour le diagnostic médical.

La première contribution majeure réside en une méthodologie hybride dédiée au diagnostic des pathologies cardiovasculaires. Celle-ci intègre un modèle d'apprentissage profond, des modèles d'apprentissage automatique, ainsi que leur hybridation au cœur de la phase cruciale de remémoration du cycle RàPC. En amont, un prétraitement rigoureux des données, couplé à une sélection pertinente des caractéristiques via l'algorithme Boruta, a permis d'optimiser les bases de cas exploitées. Par ailleurs, un algorithme d'adaptation a été conçu pour guider cette phase vers des solutions à la fois robustes et personnalisées pour chaque patient.

La seconde contribution proposée vise à améliorer la performance de la phase de remémoration pour le dépistage précoce des lésions cancéreuses cutanées à partir d'images dermoscopiques. L'approche repose sur un réseau de neurones convolutif innovant, intégrant un mécanisme d'attention pour l'extraction optimale des caractéristiques. Ces dernières alimentent la base de cas, sur laquelle divers classificateurs récents et classiques sont entraînés et évalués au sein de la phase de remémoration. De plus, une technique d'échantillonnage permet d'équilibrer la distribution des classes au sein de l'ensemble de données d'images dermoscopiques.

Les résultats obtenus démontrent les performances remarquables de ces approches hybrides, atteignant des taux d'accuracy parmi les plus élevés rapportés à ce jour.

Cette réussite illustre l'efficacité de combiner le RàPC et l'apprentissage profond pour le diagnostic médical. Elle jette également les bases pour appliquer ces méthodologies à d'autres enjeux majeurs de santé publique.

Mots clés : Raisonnement à Partir de Cas (RàPC), Apprentissage Profond, Phase de Remémoration, Phase d'Adaptation, Données Médicales.

Abstract

This thesis develops innovative hybrid approaches combining case-based reasoning (CBR) and deep learning (DL) for two crucial public health issues. The objective is to take advantage of the complementary strengths of these two artificial intelligence paradigms to obtain robust, transparent, and personalized solutions for medical diagnosis.

The first major contribution is a hybrid methodology dedicated to the diagnosis of cardiovascular pathologies. It integrates a deep learning model, machine learning models, and their hybridization at the core of the crucial retrieval phase of the CBR cycle. Upstream, rigorous data preprocessing, coupled with relevant feature selection via the Boruta algorithm, has optimized the used case bases. Moreover, an adaptation algorithm has been designed to guide this phase towards solutions that are both robust and personalized for each patient.

The second proposed contribution aims to improve the performance of the retrieval phase for the early detection of skin cancer lesions from dermoscopic images. The approach is based on an innovative convolutional neural network incorporating an attention mechanism for optimal feature extraction. These features feed the case base, on which various recent and classic machine learning classifiers are trained and evaluated within the retrieval phase. Additionally, a sampling technique balances the class distribution within the dermoscopic image dataset.

The obtained results demonstrate the remarkable performance of these hybrid approaches, achieving accuracy rates among the highest reported to date. This success illustrates the effectiveness of combining CBR and deep learning for medical diagnosis. It also lays the groundwork for applying these methodologies to other major public health challenges.

Keywords: Case-Based Reasoning (CBR), Deep Learning, Retrieval Phase, Adaptation Phase, Medical Data.

المخلص

تطور هذه الأطروحة نُهجًا هجينة مبتكرة تجمع بين الاستدلال القائم على الحالات (RàPC) والتعلم العميق لمعالجة قضيتين حاسمتين في مجال الصحة العامة. الهدف هو الاستفادة من نقاط القوة المتكاملة لهذين النموذجين للحصول على حلول قوية وشفافة ومخصصة للتشخيص الطبي.

تتمثل المساهمة الرئيسية الأولى في منهجية هجينة مخصصة لتشخيص أمراض القلب والأوعية الدموية. وتدمج هذه المنهجية نموذج التعلم العميق ونماذج التعلم الآلي، فضلاً عن دمجها في صميم مرحلة الاسترجاع الحاسمة من دورة RàPC. وقد تم تحسين قواعد البيانات المستخدمة من خلال المعالجة المسبقة الصارمة للبيانات، جنبًا إلى جنب مع اختيار الميزات ذات الصلة باستخدام خوارزمية Boruta. علاوة على ذلك، تم تصميم خوارزمية تكيف لتوجيه هذه المرحلة نحو حلول قوية ومخصصة لكل مريض.

تهدف المساهمة المقترحة الثانية إلى تحسين أداء مرحلة الاسترجاع للكشف المبكر عن آفات سرطان الجلد من الصور الدرموسكوبية. يعتمد النهج على شبكة عصبية تلافيفية تتضمن آلية الانتباه لاستخراج أمثل للميزات. تغذي هذه الميزات قاعدة البيانات التي يتم تدريب وتقييم مصنفات متنوعة حديثة وكلاسيكية للتعلم الآلي عليها ضمن مرحلة الاسترجاع. بالإضافة إلى ذلك، تعمل تقنية أخذ العينات على موازنة توزيع الفئات في مجموعة بيانات الصور الدرموسكوبية. تُظهر النتائج التي تم الحصول عليها الأداء المثير للإعجاب لهذه النُهج الهجينة، حيث تحقق معدلات دقة من بين أعلى المعدلات المبلغ عنها حتى الآن. يوضح هذا النجاح فعالية الجمع بين RàPC والتعلم العميق للتشخيص الطبي. كما يمهد الطريق لتطبيق هذه المنهجيات على تحديات صحية عامة أخرى رئيسية.

الكلمات الرئيسية: الاستدلال القائم على الحالات (RàPC)، التعلم العميق، مرحلة الاسترجاع، مرحلة التكيف، البيانات الطبية.

Table des Matières

Remerciements.....	III
Résumé.....	IV
Abstract	V
الملخص	VI
Introduction Générale.....	1
1. Contexte de recherche.....	2
2. Problématique et Contributions.....	3
3. Organisation de la thèse.....	5
Chapitre Un : Introduction au Raisonnement à Partir de Cas (RàPC).....	8
1.1 Introduction.....	9
1.2 Qu'est-ce que le RàPC ?.....	9
1.3 Historique et évolution.....	10
1.4 Principe du RàPC.....	12
1.5 Concepts de base.....	12
1.5.1 Définition de cas dans le RàPC.....	12
1.5.2 Représentation de cas dans le RàPC.....	13
1.5.3 Formats de représentation de cas dans le RàPC.....	14
1.6 Cycle du RàPC.....	17
1.6.1 Les étapes du cycle RàPC.....	18
1.6.1.1 Elaboration.....	18
1.6.1.2 Remémoration	18
1.6.1.3 Adaptation.....	19
1.6.1.4 Révision	21
1.6.1.5 Mémorisation	22
1.7 Avantages et limites du RàPC.....	22
1.7.1 Bénéfices du RàPC	22
1.7.2 Limites du RàPC.....	23
1.8 Domaine d'application du RàPC.....	24
1.9 Conditions d'Applicabilité du Raisonnement à Partir de Cas.....	25
1.10 Conclusion.....	26
Chapitre Deux : Apprentissage Profond (Deep Learning).....	27
2.1 Introduction.....	28
2.2 Historique et évolution de l'apprentissage profond.....	28
2.3 Introduction aux réseaux de neurones artificiels.....	29
1.6.1 Architectures des réseaux de neurones artificiels	31

2.4 Architectures de l'apprentissage profond.....	32
2.4.1 Réseau de neurones convolutif	33
2.4.1.1 Couche convolutionnelle (CONV)	34
2.4.1.2 Couche de mise en commun (pooling)	36
2.4.1.3 Couche entièrement connectée	37
2.4.1.4 Couche de normalisation par lots.....	38
2.4.1.5 Couche de dropout.....	39
2.4.2 Réseau de neurones récurrent	39
2.4.3 Autoencodeur.....	40
2.4.4 Réseau antagoniste génératif	42
2.5 Classification des approches de l'apprentissage profond.....	42
2.6 Algorithmes d'apprentissage pour les modèles de l'apprentissage profond.....	43
2.7 Avantages et limites de l'apprentissage profond.....	45
2.7.1 Avantages de l'apprentissage profond	45
2.7.2 Limites de l'apprentissage profond.....	46
2.8 Domaine d'application de l'apprentissage profond.....	46
2.9 Conclusion.....	47
Chapitre Trois : État de l'art sur l'hybridation entre le raisonnement à partir de cas et l'apprentissage profond dans le domaine médical.....	48
3.1 Introduction.....	49
3.2 Raisonnement à partir de cas dans le secteur médical.....	50
3.2.1 Applications du RàPC en médecine	50
3.2.2 Bénéfices et contraintes de l'utilisation du RàPC en médecine.....	53
3.3 Apprentissage profond dans le secteur médical.....	54
3.3.1 Applications d'apprentissage profond en médecine	55
3.3.2 Bénéfices et restrictions de l'utilisation de l'apprentissage profond en médecine	58
3.4 Intérêt d'hybrider le raisonnement à partir de cas avec des approches d'Intelligence Artificielle.....	58
3.5 Vers une hybridation entre le RàPC et l'apprentissage profond.....	59
3.5.1 Applications hybrides du raisonnement à partir de cas et de l'apprentissage profond en médecine.....	60
3.6 Synthèse sur l'hybridation entre l'apprentissage profond et le RàPC.....	63
3.7 Conclusion.....	64
Chapitre Quatre : Conception d'une Approche Hybride pour la Classification de la Maladie Cardiaque	66
4.1 Introduction.....	67
4.2 Description de l'approche hybride proposée.....	68
4.2.1 Jeux de données liés aux maladies cardiaques	70
4.2.1.1 Description de l'ensemble de données de la maladie cardiaque CHSLB	70
4.2.1.2 Présentation du jeu de données CardioD relatif aux maladies cardiaques.....	71
4.2.2 Prétraitement des ensembles de données de la maladie cardiaque utilisés	72
4.2.3 Méthodes de sélection de caractéristiques.....	73
4.2.3.1 Méthode Boruta.....	75

4.2.4	Création de la base de cas du RàPC	76
4.2.5	Proposition d'une étape de remémoration basée sur des modèles d'apprentissage profond et automatique	77
4.2.5.1	Réseau de Neurones Convolutif Unidimensionnel (1D CNN)	79
4.2.5.2	Machine à Vecteurs de Support (SVM)	80
4.2.5.3	Forêt Aléatoire (RF)	81
4.2.5.4	K-Plus Proches Voisins (KNN)	82
4.2.6	Proposition d'une phase d'adaptation pour guider l'étape de remémoration	82
4.2.6.1	Mesure d'adaptation suggérée	83
4.3	Résultats	85
4.3.1	Résultats de l'étape de remémoration	85
4.3.2	Résultats de l'étape d'adaptation	92
4.4	Discussion	98
4.4.1	Étude comparative selon le critère de performance	100
4.5	Conclusion	104
	Chapitre Cinq : Modélisation de la phase de remémoration pour la classification du cancer de la peau utilisant un modèle de deep forest modifié et un modèle CNN avec mécanisme d'attention	105
5.1	Introduction	106
5.2	Proposition d'une phase de remémoration pour la classification du cancer de la peau	107
5.2.1	Présentation du jeu de données sur le cancer de la peau employé	109
5.2.2	Préparation préalable des données utilisées	110
5.2.2.1	La méthode SMOTE	112
5.2.3	Extraction de caractéristiques à l'aide d'un CNN avec mécanisme d'attention	113
5.2.4	Modèle de deep forest modifié	114
5.3	Résultats et discussion	117
5.3.1	Performance du modèle CNN suggéré	117
5.3.2	Performance de la phase de remémoration suggérée	119
5.3.3	Analyse comparative des performances pour la classification du cancer de la peau	122
5.4	Conclusion	123
	Conclusion et Perspectives	125
	Références Bibliographiques	128

Liste des Figures

Figure 1.1. Comment la résolution de problèmes basée sur les cas génère une nouvelle solution.....	10
Figure 1.2. Le Carré d'analogie.....	12
Figure 1.3. Différents formats de représentation de cas.....	14
Figure 1.4. Différentes étapes du raisonnement à partir de cas.....	18
Figure 1.5. Adaptation automatique dans les systèmes de raisonnement à partir de cas.....	20
Figure 1.6. Variétés d'applications du raisonnement à partir de cas.....	24
Figure 2.1. Architecture d'un neurone artificiel et d'un réseau neuronal multicouche.....	30
Figure 2.2. Les différentes architectures des réseaux de neurones artificiels.....	32
Figure 2.3. Les architectures majeures d'apprentissage profond.....	33
Figure 2.4. Architecture du réseau de neurones convolutif LeNet-5 en 7 couches pour la reconnaissance des chiffres.....	34
Figure 2.5. Illustration d'une opération de convolution utilisant un noyau de 3×3 , sans ajout de rembourrage (padding) et avec un pas de déplacement (stride) de 1.....	35
Figure 2.6. Opération de convolution avec padding zéro, un stride de 1, et un noyau de 3×3	36
Figure 2.7. Illustration d'une opération de mise en commun maximale utilisant un filtre de dimensions 2×2 , sans ajout de remplissage et avec un pas de 2.....	37
Figure 2.8. Architecture d'un réseau de neurones récurrent avec une boucle de rétroaction.....	39
Figure 2.9. Architecture d'un autoencodeur.....	41
Figure 2.10. Représentation schématique du principe d'un réseau antagoniste génératif.....	42
Figure 2.11. Algorithmes d'optimisation les plus largement utilisés par les modèles d'apprentissage profond.....	44
Figure 3.1. Pourcentage des objectifs d'utilisation de l'hybridation entre le RàPC et les modèles d'apprentissage profond dans les travaux de la littérature dans les domaines médical et non médical.....	63
Figure 3.2. Pourcentage d'utilisation de l'hybridation entre le RàPC et les modèles d'apprentissage profond dans les travaux de recherche en médecine et dans d'autres domaines.....	64
Figure 4.1. Une illustration schématique de l'approche suggérée.....	69
Figure 4.2. Répartition en pourcentage des différentes catégories dans le jeu de données CHSLB.....	70
Figure 4.3. Répartition en pourcentage des différentes catégories dans le jeu de données CardioD.....	72
Figure 4.4. Techniques de sélection de caractéristiques supervisées.....	74
Figure 4.5. Pseudocode de l'algorithme Boruta.....	76
Figure 4.6. Illustration d'un exemple provenant de la base de cas créée à partir CHSLB.....	77

Figure 4.7. Étapes de la phase de remémoration suggérée.....	78
Figure 4.8. Diagrammes illustratifs de l'architecture suggérée du modèle 1D CNN pour les ensembles de données CHSLB (A) et CardioD (B).....	80
Figure 4.9. Symptômes principaux et règles d'adaptation déduits de l'ensemble de données CHSLB....	84
Figure 4.10. Symptômes principaux et règles d'adaptation déduits à partir CardioD.....	84
Figure 4.11. Prédictions du modèle 1D CNN utilisant la technique de validation croisée 10-fold stratifiée sur la base de cas CHSLB.....	86
Figure 4.12. Résultats de prédiction du modèle RF utilisant la technique de validation croisée 10-fold stratifiée sur la base de cas CHSLB.....	86
Figure 4.13. Résultats de prédiction du modèle SVM utilisant la technique de validation croisée 10-fold stratifiée sur la base de cas CHSLB.....	87
Figure 4.14. Prédictions du modèle KNN utilisant la technique de validation croisée 10-fold stratifiée sur CHSLB.....	87
Figure 4.15. Prédictions du modèle 1D CNN-RF utilisant la technique de validation croisée 10-fold stratifiée sur la base de cas CHSLB.....	87
Figure 4.16. Résultats de prédiction du modèle 1D CNN-SVM utilisant la technique de validation croisée 10-fold stratifiée sur la base de cas CHSLB.....	88
Figure 4.17. Prédictions du modèle 1D CNN-KNN utilisant la technique de validation croisée 10-fold stratifiée sur la base de cas CHSLB.....	88
Figure 4.18. Résultats de prédiction du modèle 1D CNN utilisant la technique de validation croisée 10-fold stratifiée sur la base de cas CardioD	88
Figure 4.19. Résultats de prédiction du modèle RF utilisant la technique de validation croisée 10-fold stratifiée sur la base de cas CardioD.....	89
Figure 4.20. Résultats de prédiction du modèle SVM utilisant la technique de validation croisée 10-fold stratifiée sur la base de cas CardioD.....	89
Figure 4.21. Résultats de prédiction du modèle KNN utilisant la technique de validation croisée 10-fold stratifiée sur CardioD.....	89
Figure 4.22. Prédictions du modèle 1D CNN-RF utilisant la technique de validation croisée 10-fold stratifiée sur la base de cas CardioD.....	90
Figure 4.23. Résultats de prédiction du modèle 1D CNN-SVM utilisant la technique de validation croisée 10-fold stratifiée sur CardioD.....	90
Figure 4.24. Prédictions du modèle 1D CNN-KNN utilisant la technique de validation croisée 10-fold stratifiée sur la base de cas CardioD.....	90
Figure 4.25. Adaptation des résultats de prédiction du modèle 1D CNN utilisant la technique de validation croisée 10-fold stratifiée sur la base de cas CHSLB.....	92

Figure 4.26. Adaptation des résultats de prédiction du modèle RF utilisant la technique de validation croisée 10-fold stratifiée sur la base de cas CHSLB.....	93
Figure 4.27. Adaptation des résultats de prédiction du modèle SVM utilisant la technique de validation croisée 10-fold stratifiée sur la base de cas CHSLB.....	93
Figure 4.28. Adaptation des résultats de prédiction du modèle KNN utilisant la technique de validation croisée 10-fold stratifiée sur la base de cas CHSLB.....	93
Figure 4.29. Adaptation des résultats de prédiction du modèle 1D CNN-RF utilisant la technique de validation croisée 10-fold stratifiée sur la base de cas CHSLB.....	94
Figure 4.30. Adaptation des résultats de prédiction du modèle 1D CNN-KNN utilisant la technique de validation croisée 10-fold stratifiée sur la base de cas CHSLB.....	94
Figure 4.31. Adaptation des résultats de prédiction du modèle 1D CNN utilisant la technique de validation croisée 10-fold stratifiée sur la base de cas CardioD.....	94
Figure 4.32. Adaptation des résultats de prédiction du modèle RF utilisant la technique de validation croisée 10-fold stratifiée sur la base de cas CardioD.....	95
Figure 4.33. Adaptation des résultats de prédiction du modèle SVM utilisant la technique de validation croisée 10-fold stratifiée sur la base de cas CardioD.....	95
Figure 4.34. Adaptation des résultats de prédiction du modèle KNN utilisant la technique de validation croisée 10-fold stratifiée sur la base de cas CardioD.....	95
Figure 4.35. Adaptation des résultats de prédiction du modèle 1D CNN-RF utilisant la technique de validation croisée 10-fold stratifiée sur la base de cas CardioD.....	96
Figure 4.36. Adaptation des résultats de prédiction du modèle 1D CNN-SVM utilisant la technique de validation croisée 10-fold stratifiée sur la base de cas CardioD.....	96
Figure 4.37. Adaptation des résultats de prédiction du modèle 1D CNN-KNN utilisant la technique de validation croisée 10-fold stratifiée sur la base de cas CardioD.....	96
Figure 4.38. Comparaison des performances (accuracy moyen) des sept modèles sur la base de données CHSLB entre l'étape d'adaptation et l'étape de remémoration.....	99
Figure 4.39. Comparaison des performances (accuracy moyen) des sept modèles sur la base de données CardioD entre l'étape d'adaptation et l'étape de remémoration.....	100
Figure 5.1. Représentation graphique de la méthode suggérée pour la classification du cancer cutané..	108
Figure 5.2. Exemples illustratifs des divers types de cancer cutané issus du jeu de données HAM10000.....	109
Figure 5.3. Répartition déséquilibrée des classes dans l'ensemble de données HAM10000.....	110
Figure 5.4. Répartition des catégories dans l'ensemble de données HAM10000 après l'utilisation de la méthode SMOTE.....	113

Figure 5.5. L'architecture du modèle CNN suggéré avec mécanisme d'attention pour l'extraction des caractéristiques	114
Figure 5.6. L'architecture de la forêt en cascade du modèle DF.....	115
Figure 5.7. L'architecture modifiée de la forêt en cascade du modèle DF. À chaque couche, quatre classificateurs fondamentaux produisent des vecteurs de probabilité, servant de caractéristiques augmentées pour le processus d'apprentissage de la couche suivante.....	116
Figure 5.8. Courbes d'accuracy d'entraînement et de validation ainsi que de perte pour le modèle CNN avec mécanisme d'attention.....	118
Figure 5.9. Courbes d'accuracy d'entraînement et de validation ainsi que de perte pour le modèle CNN sans mécanisme d'attention	118
Figure 5.10. (A) Prédiction du modèle de deep forest modifié pour NL=100, NTC=100, (B) Prédiction du modèle de deep forest standard pour NL=100, NTC=100.....	120

Liste des Tableaux

Tableau 2.1. Fonctions d'activation fréquemment utilisées dans les Réseaux de Neurones Modernes.....	31
Tableau 3.1. Quelques systèmes RàPC réalisés au fil des ans en médecine.....	53
Tableau 3.2. Quelques travaux de la littérature utilisant l'apprentissage profond en médecine.....	57
Tableau 3.3. Synthèse des systèmes combinant le raisonnement à partir cas et l'apprentissage profond dans les contextes médicaux et autres.....	62
Tableau 4.1. Description succincte des caractéristiques du jeu de données CHSLB.....	71
Tableau 4.2. Description succincte des caractéristiques du jeu de données CardioD.....	72
Tableau 4.3. Résultats de la sélection d'attributs par l'algorithme Boruta.....	76
Tableau 4.4. Hyperparamètres du modèle 1D CNN proposé.....	79
Tableau 4.7. Comparaison des performances moyennes des modèles appliqués à la base de cas CHSLB avec et sans sélection d'attributs lors de la phase de remémoration.....	91
Tableau 4.8. Comparaison des performances moyennes des modèles appliqués à la base de cas CardioD avec et sans sélection d'attributs lors de la phase de remémoration	91
Tableau 4.9. Performance moyenne de chaque modèle appliqué sur la base de cas CHSLB après la phase d'adaptation.....	96
Tableau 4.10. Performance moyenne de chaque modèle appliqué sur la base de cas CardioD après la phase d'adaptation avec l'effet de l'utilisation de la sélection d'attributs.....	96
Tableau 4.11. Comparaison de l'approche suggérée avec les études précédentes sur l'ensemble de données CHSLB.....	101
Tableau 4.12. Comparaison de l'approche suggérée avec les études précédentes sur l'ensemble de données CardioD.....	102
Tableau 5.1. Présentation des caractéristiques du jeu de données HAM10000.....	109
Tableau 5.2. Détails des paramètres du modèle CNN utilisé	116
Tableau 5.3. Comparaison des performances du modèle CNN avec et sans l'intégration d'un mécanisme d'attention pour la classification des cancers de la peau.....	117
Tableau 5.4. Analyse des performances du modèle Deep Forest standard pour la classification des cancers cutanés.....	118
Tableau 5.5. Analyse des performances du modèle Deep Forest ajusté pour la classification du cancer cutané.....	118

Tableau 5.6. Résultats des performances des modèles utilisés dans la phase de remémoration pour la classification du cancer de la peau	120
Tableau 5.7. Résultats des performances des modèles employés lors de la phase de remémoration pour la classification des cancers cutanés.....	120
Tableau 5.8. Comparaison des performances d'études similaires dans la littérature sur l'ensemble de données HAM10000.....	121

INTRODUCTION GENERALE

Introduction Générale

1. Contexte de recherche

Dans le cadre des avancées technologiques récentes, l'intelligence artificielle (IA) se révèle être une force révolutionnaire avec un potentiel transformateur pour les paradigmes dans divers domaines (Jiang et al., 2017). Le secteur médical, en particulier, se distingue par sa capacité exceptionnelle à bénéficier des avancées de l'IA (Topol, 2019). Cette thèse vise à explorer l'application de deux méthodologies spécifiques de l'IA au secteur médical : l'apprentissage profond (Deep Learning, DL) et le raisonnement à partir de cas (Case-Based Reasoning, CBR).

L'apprentissage profond, une branche récemment émergente de l'apprentissage automatique, a connu une croissance significative ces dernières années, surtout en raison de ses capacités exceptionnelles à traiter et modéliser d'énormes volumes de données complexes (Deng & Yu, 2014). Basé sur des architectures de réseaux de neurones artificiels avec plusieurs couches de traitement non linéaires, l'apprentissage profond a démontré une grande efficacité dans l'extraction et l'apprentissage automatique de caractéristiques de haut niveau à partir de données brutes. Cela permet de révéler des motifs et des structures complexes qui échappent à l'analyse humaine ou aux méthodes traditionnelles (Bengio et al., 2013).

Cette capacité d'apprentissage en profondeur à partir de données multimodales et hautement dimensionnelles rend les méthodes d'apprentissage profond particulièrement pertinentes et prometteuses pour de nombreuses applications médicales (Ravi et al., 2016). Elles permettent le développement de systèmes intelligents pour le diagnostic automatisé de pathologies à partir d'images médicales diverses (Litjens et al., 2017), la prédiction de l'évolution de maladies chroniques (Shickel et al., 2017), la personnalisation de protocoles thérapeutiques en fonction des profils individuels des patients (Miotto et al., 2018), etc.

Néanmoins, en dépit de ses avantages considérables, l'apprentissage profond se heurte également à des défis et limites non négligeables. Pour entraîner efficacement les réseaux neuronaux profonds, il est crucial de disposer de grandes quantités de données annotées par des experts, une exigence qui peut être particulièrement difficile à satisfaire dans le domaine médical où les données peuvent être rares ou sensibles (Nguyen et al., 2019).

De plus, les modèles d'apprentissage profond finaux tendent à s'apparenter à des "boîtes noires" difficilement interprétables, remettant en cause la traçabilité et l'explicabilité de leurs processus

décisionnels complexes. Ce manque d'intelligibilité représente un frein à leur acceptabilité en milieu clinique, où la transparence des recommandations automatisées constitue un prérequis indispensable (Arrieta et al., 2020).

D'autre part, le raisonnement basé sur les cas (RBC) est une approche en intelligence artificielle qui cherche à résoudre de nouveaux problèmes en utilisant des solutions antérieures appliquées à des situations comparables (Aamodt & Plaza, 1994). En médecine, un système de raisonnement basé sur les cas utilise une base de données contenant des cas cliniques documentés et résolus par des spécialistes. Face à une nouvelle situation, il récupère les cas précédents les plus proches et adapte leurs solutions au nouveau contexte, offrant ainsi des recommandations personnalisées (Begum et al., 2010).

Le RàPC présente plusieurs avantages notables. Premièrement, il facilite la prise de décisions complexes, même avec des données limitées, en capitalisant sur l'expertise accumulée (Aamodt & Plaza, 1994). Deuxièmement, il promeut la transparence en explicitant la logique menant aux recommandations, par le biais des cas similaires invoqués (Bichindaritz, 2008). Troisièmement, les solutions proposées sont personnalisables aux spécificités du patient, permettant ainsi une meilleure adéquation avec leurs besoins individuels et un meilleur suivi des recommandations thérapeutiques (Schmidt & Gierl, 2000).

Les résultats du RàPC sont étroitement liés à la qualité de la base de cas initiale (Begum et al., 2010) ainsi qu'à l'efficacité de ses diverses étapes (Aamodt & Plaza, 1994). La constitution et l'enrichissement continu de cette base à partir d'expertises médicales de qualité représentent donc un prérequis essentiel pour assurer la robustesse du système (Bichindaritz & Marling, 2006).

2. Problématique et Contributions

De nombreux travaux dans la littérature ont exploité l'apprentissage profond ou le raisonnement à partir de cas pour traiter diverses maladies, rencontrant un succès remarquable (Gasmi et al., 2022). Bien que les modèles d'apprentissage profond et les systèmes de raisonnement basés sur des cas montrent des performances individuelles remarquables, chacun de ces deux types d'approches a encore des limites et des défis à surmonter. D'une part, bien que les modèles d'apprentissage profond soient particulièrement efficaces pour la reconnaissance de motifs ou l'extraction de caractéristiques, ils manquent souvent d'interprétabilité et de transparence dans leur processus décisionnel. D'autre part, les systèmes de raisonnement basés sur des cas sont confrontés à des restrictions dues à la qualité de leur base de cas initiale et à leur précision souvent limitée.

Ces constats soulèvent une problématique de recherche fondamentale : **l'hybridation de l'apprentissage profond et du raisonnement à partir de cas pourrait-elle pallier leurs faiblesses respectives et aboutir à des solutions robustes, interprétables et dignes de confiance pour des applications médicales critiques ?**

Cette hypothèse est renforcée par quelques travaux pionniers, aussi bien dans le domaine médical que dans d'autres domaines appliqués. En effet, l'hybridation de ces deux approches peut se faire selon deux axes : Il s'agit soit d'incorporer les modèles d'apprentissage profond dans diverses étapes du processus de raisonnement basé sur des cas, soit d'intégrer le raisonnement basé sur des cas au sein des modèles d'apprentissage profond (Gasmi et al., 2022).

Cependant, malgré le potentiel prometteur de cette hybridation, plusieurs lacunes peuvent être identifiées dans le domaine médical (Gasmi et al., 2023):

- Très peu de travaux ont exploré l'hybridation entre le raisonnement à partir de cas et les modèles d'apprentissage profond dans ce domaine spécifique.

Face à ces constats, cette thèse vise à combler ces lacunes en proposant des approches hybrides novatrices exploitant à la fois la puissance des modèles d'apprentissage profond et l'interprétabilité du raisonnement à partir de cas, dans le but d'obtenir des solutions robustes, transparentes et adaptées aux défis posés par les différentes maladies.

La phase de récupération d'informations dans le cycle de raisonnement basé sur des cas pour la classification des maladies cardiaques, un problème de santé majeur ayant un impact important sur la mortalité mondiale selon l'Organisation Mondiale de la Santé (OMS). Cette approche implique plusieurs étapes clés. Préalablement, une phase de prétraitement est appliquée sur les ensembles de données utilisées, comprenant la suppression des valeurs manquantes, le remplacement des valeurs nulles et la normalisation des données. Par la suite, un algorithme performant de sélection des caractéristiques est utilisé pour créer des ensembles de cas optimisés à partir des données prétraitées. Dans l'étape de remémoration, nous avons intégré des modèles d'apprentissage automatique, des modèles d'apprentissage profond, ainsi que leur hybridation, dans le but de prédire la présence ou l'absence de maladie cardiaque chez un nouveau patient. Une validation croisée stratifiée en K-fold a été mise en œuvre pour entraîner et évaluer les performances prédictives de ces différents modèles. Nous avons également proposé un algorithme d'adaptation novateur pour guider la phase de remémoration vers une solution robuste.

La deuxième contribution s'attaque à la problématique du cancer de la peau, qui figure parmi les principales causes de décès prématurés évitables dans de nombreux pays, suivant directement les maladies cardiovasculaires. L'objectif principal est d'optimiser les performances de la phase de rappel dans le processus de raisonnement basé sur des cas pour la classification du cancer cutané. Cette amélioration repose sur l'exploitation d'un modèle d'apprentissage profond doté d'un mécanisme d'attention pour faciliter l'extraction efficace des caractéristiques pertinentes à partir d'images dermoscopiques. Ces caractéristiques extraites servent à développer la base de cas qui sera employée lors de la phase de remémoration. Ensuite, pour assurer une classification précise, nous avons proposé

un modèle de deep forest modifié ainsi que d'autres classificateurs d'apprentissage automatique classiques au sein de la phase de remémoration. De plus, nous avons appliqué une technique d'échantillonnage sur l'ensemble de données initial pour équilibrer la distribution des classes, améliorant ainsi les performances des modèles.

3. Organisation de la thèse

Cette thèse est organisée en cinq sections principales, suivis d'une conclusion qui résume les contributions clés et propose des perspectives pour les développements et améliorations futurs dans ce domaine.

Le premier chapitre (**Introduction au Raisonnement à Partir de Cas (RàPC)**) est destiné à présenter une vue d'ensemble complète de l'approche du RàPC en tant que paradigme de résolution de problèmes. Après avoir défini le raisonnement à partir de cas, ce chapitre retrace son historique et son évolution. Il expose ensuite les principes fondamentaux du RàPC, ses concepts clés comme la notion de cas, sa représentation et sa base de cas. Le cycle classique du RàPC est également détaillé avec ses différentes étapes (élaboration, remémoration, adaptation, révision, mémorisation). Enfin, cette approche est examinée sous les angles de ses avantages, de ses limites, de ses domaines d'application et des conditions nécessaires à son utilisation.

Dans le deuxième chapitre intitulé (**Apprentissage profond (deep learning)**), une vue d'ensemble complète de ce domaine de l'intelligence artificielle est présentée. Après avoir retracé l'historique et l'évolution de l'apprentissage profond, des réseaux de neurones initiaux aux récentes percées, ce chapitre introduit les concepts fondamentaux des réseaux de neurones artificiels. Il détaille ensuite les principales architectures profondes, notamment les réseaux convolutifs, récurrents, les auto-encodeurs et les réseaux antagonistes génératifs. Pour chaque architecture, les différents types de couches (convolution, pooling, normalization, etc.) sont expliqués. Ce chapitre classe également les différentes approches d'apprentissage profond (supervisé, non-supervisé, par renforcement, etc.) et présente les algorithmes d'optimisation clés utilisés pour l'entraînement des modèles. Enfin, les avantages, limites, domaines d'applications phares de l'apprentissage profond sont abordés.

Le troisième chapitre intitulé **État de l'art sur l'hybridation entre le raisonnement à partir de cas et l'apprentissage profond dans le domaine médical** commence par présenter les applications existantes du raisonnement à partir de cas (RàPC) en médecine, ainsi que ses avantages et limites dans ce domaine. Il fait ensuite présenter des applications récentes de l'apprentissage profond pour résoudre différents problèmes médicaux, en analysant aussi les forces et faiblesses de ces approches. Après avoir mis en évidence l'intérêt d'hybrider le RàPC avec d'autres techniques d'IA, le chapitre explore spécifiquement les possibilités de combiner le RàPC et l'apprentissage profond. Il décrit les applications

hybrides existantes entre ces deux paradigmes dans le contexte médical et non médical. Enfin, une synthèse est présentée pour dégager une discussion sur l'hybridation entre ces deux approches.

Le quatrième chapitre (**Conception d'une Approche Hybride pour la Classification de la Maladie Cardiaque**) expose une méthode hybride novatrice qui associe le raisonnement basé sur les cas (RàPC) et l'apprentissage profond pour la classification des maladies cardiaques. Après une présentation des deux ensembles de données utilisés pour cette pathologie, le chapitre détaille les étapes de prétraitement des données. Il explique ensuite la technique de sélection de caractéristiques Boruta avant de traiter la création de la base de cas. L'innovation de cette approche hybride réside dans l'intégration d'une phase de remémoration utilisant divers modèles d'apprentissage profond et automatique, ainsi qu'une phase d'adaptation originale visant à optimiser la remémoration. Les résultats expérimentaux des phases de remémoration et d'adaptation sont ensuite présentés et analysés. Enfin, le chapitre propose une discussion approfondie sur les performances, les avantages et les limitations de cette approche hybride.

Le cinquième chapitre (**Modélisation de la phase de remémoration pour la classification du cancer de la peau utilisant un modèle de deep forest modifié et un modèle CNN avec mécanisme d'attention**) présente notre deuxième contribution. Cette section propose une nouvelle approche pour la phase de remémoration dans le système RàPC, spécifiquement pour la classification du cancer cutané. Le chapitre détaille d'abord l'ensemble de données d'images dermoscopiques utilisé, puis décrit les étapes de prétraitement, y compris l'application de la technique SMOTE pour équilibrer les classes. Une section significative est dédiée à la description de l'architecture d'un réseau de neurones convolutifs intégrant un mécanisme d'attention, afin d'extraire des caractéristiques pertinentes des images de lésions cutanées. Par la suite, les modèles utilisés dans la phase de récupération sont détaillés, en complément de la présentation d'un modèle de deep forest modifié. Les résultats expérimentaux sont analysés. Une étude comparative avec d'autres méthodes est également menée sur la base de performance pour la classification du cancer de la peau.

Dans la conclusion, les bénéfices des méthodes hybrides proposées dans cette thèse sont mis en évidence. Elle offre également une discussion approfondie sur l'ensemble des résultats obtenus. Enfin, les orientations futures et les opportunités de recherche découlant de ces travaux sont explorées.

Chapitre Un :

Introduction au Raisonnement à Partir de Cas (RàPC)

Chapitre Un :

Introduction au Raisonnement à Partir de Cas (RàPC)

1.1 Introduction

Ces dernières décennies ont vu l'émergence d'une collaboration entre professionnels de l'informatique et experts d'autres disciplines, mathématiciens, psychologues, experts médicaux et chercheurs de divers domaines. Cette collaboration vise à caractériser informatiquement diverses formes d'intelligence, y compris l'intelligence humaine et animale, dans un monde de plus en plus numérisé.

L'intelligence artificielle (IA) est à l'avant-garde de cette convergence, émulant et reproduisant l'intelligence naturelle dans des systèmes informatiques.

Dans le secteur de l'intelligence artificielle, diverses méthodes ont émergé, telles que les réseaux neuronaux, l'intelligence en essaim, les systèmes experts, etc. Cependant, ce chapitre se concentre principalement sur le Raisonnement à Partir de Cas (RàPC).

Le RàPC est une méthode de résolution de problèmes qui imite la façon dont les êtres humains mémorisent et utilisent leurs expériences passées pour affronter de nouveaux défis. Cette approche a gagné en importance dans divers domaines en raison de sa capacité à exploiter efficacement des cas historiques, stockés dans un référentiel de connaissances dédié, pour faire face à des situations nouvelles.

Le but de ce chapitre est de présenter une vue d'ensemble exhaustive du RàPC en tant que modèle de résolution de problèmes. Nous définissons d'abord le RàPC, retraçons son historique et son évolution. Ensuite, nous explorons les principes de base, les concepts essentiels liés à la définition, à la présentation et à la structuration des cas, ainsi que la notion fondamentale des cas. Nous examinons également le cycle du RàPC en détaillant chacune de ses étapes. Enfin, nous analysons les avantages et les inconvénients du RàPC, ses domaines d'application, ainsi que les conditions qui déterminent son utilisation.

1.2 Qu'est-ce que le RàPC ?

Le Raisonnement à partir de Cas (RàPC) est une approche de raisonnement qui consiste à examiner un problème actuel en le mettant en parallèle avec des problèmes semblables résolus antérieurement (Aamodt & Plaza, 1994). Ce modèle est particulièrement pertinent dans le domaine de l'intelligence artificielle pour la prise de décision et l'apprentissage (De Mantaras et al., 2005).

Ce mode de raisonnement émule la façon dont les êtres humains abordent la résolution des problèmes dans leur vie quotidienne. Naturellement, les individus s'appuient sur leur expérience, rappelant des situations analogues déjà vécues. Ils comparent ensuite ces situations passées à la situation actuelle pour élaborer une nouvelle solution, enrichissant ainsi leur base d'expérience (Bahls & Roth-Berghofer, 2007).

Dans le système de Résolution de Problèmes par Cas (RàPC), les cas antérieurs conservés (expériences passées de résolution de problèmes) sont utilisés pour résoudre de nouveaux défis. Comme le montre la Figure 1.1, la méthode de résolution de problèmes basée sur les cas crée une solution novatrice en exploitant les similarités et les différences entre les situations précédentes et le problème en cours.

Cette approche permet d'adapter et de créer des solutions innovantes en fonction du contexte spécifique, renforçant ainsi la capacité d'apprentissage du système RàPC (Kolodner, 1992).

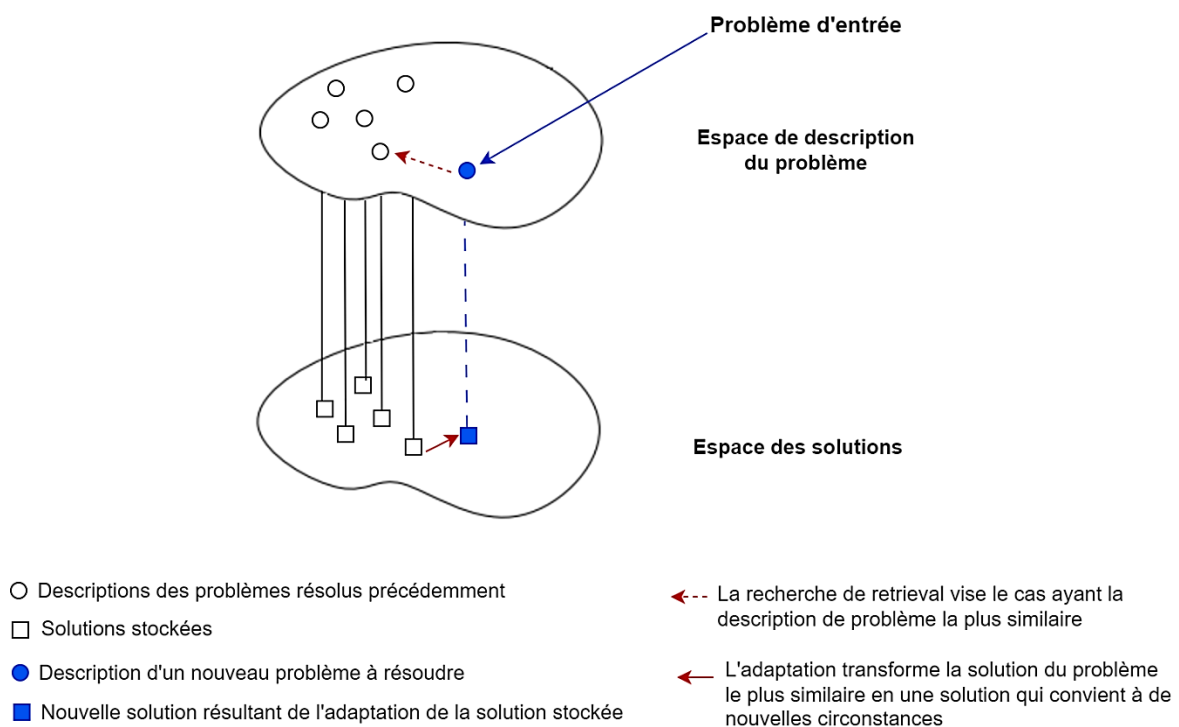


Figure 1.1. Comment la résolution de problèmes basée sur les cas génère une nouvelle solution (Leake, 1996b).

1.3 Historique et évolution

Les travaux de Schank et Abelson en 1977 sont généralement considérés comme le point de départ de raisonnement à partir de cas (RàPC). Les scripts ont été proposés comme une structure de mémoire conceptuelle décrivant des informations sur des événements stéréotypés tels que se rendre au restaurant ou consulter un médecin. Cependant, des expériences sur les scripts ont révélé leurs limites en tant que théorie complète de la représentation de la mémoire, car les individus ont tendance à confondre des événements dont les scripts sont similaires. Par exemple, une personne peut confondre les scènes de

consultation chez le médecin avec celles chez le dentiste. Ces observations s'accordent avec les théories philosophiques et psychologiques sur la formation des concepts, la résolution des problèmes et l'apprentissage par l'expérience, telles que décrites par Tulving (Tulving, 1972) et Smith et al. (Smith et al., 1978).

À la même époque, Gentner (Gentner, 1983) développait un cadre théorique pour l'analogie qui s'applique également au RàPC. Peut-être avec le recul, il est également possible de trouver des références importantes pour le RàPC dans l'observation de Wittgenstein selon laquelle les concepts naturels tels que les tables et les chaises sont en fait polymorphes et ne peuvent pas être classés par un seul ensemble de caractéristiques nécessaires et suffisantes, mais peuvent plutôt être définis par un ensemble d'instances (c'est-à-dire de cas) ayant des ressemblances familiales (Wittgenstein, 1953).

Une autre approche est issue des travaux de Bruce Porter, à l'université du Texas à Austin, sur la classification heuristique et l'apprentissage automatique, qui ont abouti au système PROTOS (Porter & Bareiss, 1986).

Il n'est peut-être pas surprenant qu'étant donné que la pratique du droit est largement basée sur la préséance et la notion de cas, ce secteur ait manifesté un certain intérêt pour le RàPC. C'est notamment le cas du groupe d'Edwina Rissland, de l'université du Massachusetts à Amherst, qui a mis au point HYPO (Ashley, 1988).

Bien que les études sur le RàPC ne se concentrent pas uniquement sur les États-Unis, leur développement a été plus tardif en Europe. Parmi les premières contributions européennes notables, on trouve celles du groupe dirigé par Derek Sleeman à Aberdeen, en Écosse, qui a exploré l'utilisation des cas pour l'acquisition de connaissances, aboutissant au développement du système REFINER (Sharma & Sleeman, 1988). Simultanément, Mike Keane du Trinity College à Dublin a mené des recherches en sciences cognitives sur le raisonnement analogique, influençant par la suite le développement du système RàPC (Keane, 1988). De son côté, Agnar Aamodt de l'université de Trondheim a axé ses recherches sur l'apprentissage dans le cadre du RàPC ainsi que sur la fusion des cas avec des connaissances générales, ce qui a conduit à la création de CREEK (Aamodt, 1991).

Plus loin, il existe des groupes RàPC actifs en Israël (Oxman, 1996), en Inde (Venkataraman et al., 1993) et au Japon (Kitano, 1993). Toutefois, le nombre croissant d'articles sur le RàPC dans les revues d'intelligence artificielle et le nombre croissant d'applications du RàPC qui connaissent un succès commercial devraient faire en sorte que beaucoup plus de pays s'intéressent activement au RàPC à l'avenir.

1.4 Principe du RàPC

Le principe de base du raisonnement à partir de cas repose sur le principe de l'analogie. Lorsqu'une nouvelle situation, désignée comme le "cas cible", présente des similitudes ou des ressemblances avec une situation antérieure conservée dans la "base de cas", appelée le "cas source", des liens analogiques peuvent être établis entre ces deux cas (Kolodner, 2014).

Pour illustrer ce concept, nous pouvons utiliser le carré d'analogie (voir Figure 1.2) (Bonissone, 1997), où le symbole " β problème" représente les liens décrivant la similarité et la dissimilarité entre le problème du cas source et celui du cas cible, tandis que " β solution" symbolise la relation entre la solution du problème du cas source et celle du cas cible.

En outre, les relations de dépendance, notées " α ", symbolisent la connexion entre un problème et sa solution pour un cas (qu'il soit cible ou source). Lorsque nous procédons à l'adaptation de la solution d'un cas source pour l'appliquer à un cas cible, la relation " α " peut être utilisée de manière significative pour garantir que la solution est adaptée au contexte spécifique du cas cible.

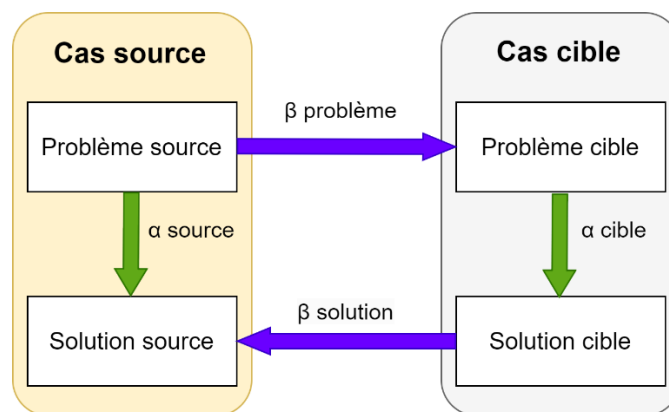


Figure 1.2. Le Carré d'analogie (Bonissone, 1997).

1.5 Concepts de base

Dans cette section, nous allons explorer en détail les concepts fondamentaux qui sous-tendent le domaine du Raisonnement à partir de Cas (RàPC). Avant d'approfondir les aspects avancés de cette méthodologie, nous allons établir une solide compréhension des bases du RàPC.

1.5.1 Définition de cas dans le RàPC

Définition 1 : Un cas peut être décrit comme une expérience enregistrée dans une base de connaissances. Cette expérience offre des leçons qui permettent au système de RàPC de traiter différents types de problèmes. La nature des informations contenues dans un cas peut varier en fonction du domaine d'application et des objectifs visés (Aamodt & Plaza, 1994).

Dans le domaine médical, un exemple pourrait être un dossier de patient bien organisé, incluant des informations sur les symptômes, le diagnostic, le traitement, et les résultats obtenus.

Les auteurs dans (Lieber et al., 2006) proposent une définition du cas comme étant une description informatique d'un épisode de résolution de problème.

Définition 2 : Le cas occupe une place centrale en matière de connaissances et joue un rôle dans le processus de raisonnement des systèmes RàPC.

Watson a également défini un cas comme une pièce de connaissance contextualisée représentant une expérience (Watson, 1998). Par conséquent, les cas peuvent se présenter sous forme d'instances, d'objets ou même d'éléments d'une situation issue d'une expérience passée.

1.5.2 Représentation de cas dans le RàPC

La structure fondamentale d'un cas dans le contexte du raisonnement à partir de cas (RàPC) repose sur une paire essentielle ordonnée $(pb, sol(pb))$, où "pb" représente le problème à résoudre et "sol(pb)" sa solution correspondante (Aamodt & Plaza, 1994).

Plus spécifiquement, la composante "pb" du cas contient une description détaillée du problème, tandis que la composante "sol(pb)" englobe la solution proposée pour résoudre ce problème. Dans le cadre du RàPC, on distingue habituellement deux catégories de cas : les cas cibles et les cas sources. Un cas cible correspond à un problème inédit à résoudre et est généralement présenté de la manière suivante :

$$(pb_c, sol(pb_c)) \tag{1.1}$$

Où :

"pb_c" désigne la description du problème cible.

"sol(pb_c)" correspond à la solution envisagée pour le problème.

Il est important de noter que, dans le cas cible, la solution (sol(pb)) n'est pas connue à l'avance.

En revanche, un cas source se réfère à un problème ayant déjà trouvé une solution et qui est enregistré dans la base de données des cas. Il est habituellement présenté de la manière suivante :

$$(pb_{sc}, sol(pb_{sc})) \tag{1.2}$$

Où :

"pb_{sc}" représente la description du problème source.

"sol(pb_{sc})" indique la solution qui a été appliquée au problème source.

Cette organisation du cas aide à différencier nettement les problèmes à aborder (cas cibles) des expériences antérieures de résolution de problèmes (cas sources), lesquelles servent de guide pour traiter de nouveaux défis.

1.5.3 Formats de représentation de cas dans le RàPC

Il existe divers formalismes pour la représentation des cas (ENNAJI et al., 2021), certains étant plus courants que d'autres. Le choix d'un format pour représenter les cas est souvent déterminé par les caractéristiques spécifiques du problème à résoudre.

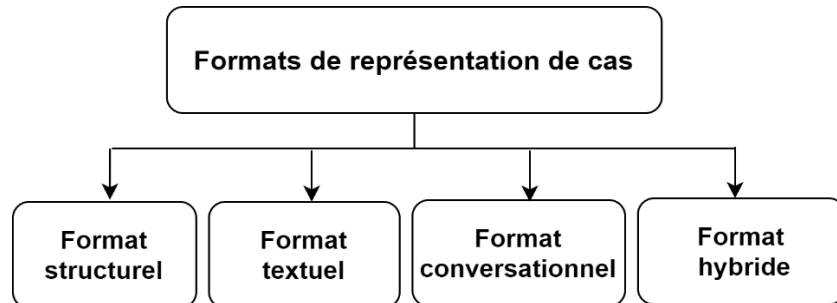


Figure 1.3. Différents formats de représentation de cas (ENNAJI et al., 2021).

1. Format structurel

Un cas suit une structure standardisée, formée par l'identification et l'extraction de caractéristiques essentielles qui décrivent de manière approfondie le problème à résoudre. Cette représentation structurée est largement adoptée dans la plupart des travaux de recherche (Haouchine, 2009). L'une des formes courantes pour représenter un cas consiste à le décomposer en un ensemble de descripteurs. Chaque descripteur est défini comme une paire (feature, valeur associée).

Un exemple concret tiré du domaine médical (Bentaiba-Lagrid et al., 2020) peut illustrer cette notion. Cet exemple porte sur la détermination de la gravité d'une masse mammographique. Dans ce cas, la partie problème du cas comprend des features (f_1, \dots, f_5) et leurs valeurs (v_1, \dots, v_5) qui décrivent la maladie, tandis que la partie solution "s" contient la classe de gravité.

Où :

- f_1 = BI-RADS : l'évaluation fait référence au Breast Imaging Reporting and Data System. Il s'agit d'une caractéristique catégorique. Ses valeurs possibles sont $\{0, 1, 2, 3, 4, 5, 6, \emptyset\}$, où zéro indique une évaluation incomplète, un signe '1' signifie que la mammographie est certainement bénigne, jusqu'à '5' qui signifie que la mammographie est fortement suggestive de malignité.
- f_2 = Âge : l'âge du patient en années. Il s'agit d'une caractéristique quantitative. Il pourrait être \emptyset , où \emptyset représente la valeur nulle.
- f_3 = Forme de la masse : une caractéristique catégorique. Ses valeurs possibles sont {ronde, ovale, lobulaire, irrégulière, \emptyset }.
- f_4 = Marge de la masse : une caractéristique catégorique. Ses valeurs possibles sont {circonscrite, micro-lobulée, occultée, mal définie, spéculée, \emptyset }.

- f_5 = Densité de la masse : une caractéristique catégorique. Ses valeurs possibles sont {élevée, iso, basse, contenant de la graisse, \emptyset }.
- L'éventail de solutions qui indique la gravité de la masse mammographique se compose de {bénigne, maligne}.

Alors, un cas est comme suit :

$C = \{ f_1 : 5, f_2 : 67, f_3 : \text{lobulaire}, f_4 : \text{spéculée}, f_5 : \text{basse} \} \rightarrow s : \text{"maligne"}$

La représentation du cas peut prendre aussi diverses formes en fonction des besoins spécifiques du domaine d'application (tels que les cadres (frames en anglais) (Plaza, 1995), la logique de description (Donini et al., 1996), les objets (Bergmann, 2002), etc),

Nous choisissons d'adopter ce format structuré pour la représentation des cas médicaux au sein de notre méthode de diagnostic basé sur le RàPC. Nous avons choisi ce format structuré pour la présentation des cas médicaux afin de garantir une organisation précise et efficace des cas que nous souhaitons examiner.

Cette structuration précise est essentielle pour permettre une analyse approfondie des caractéristiques médicales, des diagnostics et des données cliniques, ce qui, à son tour, favorise une prise de décision clinique plus éclairée et contribue à la précision de la recherche médicale. Pour optimiser la pertinence et l'efficacité de notre approche dans le contexte de notre étude, nous utilisons cette formalisation, comme nous l'expliquerons en détail dans le chapitre 4.

2. Format textuel

La façon dont les cas sont décrits textuellement est essentielle pour la résolution de problèmes, car elle assure une représentation fidèle du cas en question. Par exemple, la manière dont le texte d'un jugement juridique est récupéré pour servir de précédent dans une affaire ultérieure illustre bien cette importance (Lamontagne, 2004).

Les cas textuels peuvent être classés en deux catégories principales :

- Les cas non-structurés, qui consistent en un seul attribut contenant une description entièrement en texte libre (free-text) (Weber et al., 2005).
- Les cas semi-structurés, qui comportent plusieurs attributs étiquetés contenant du texte (Lamontagne & Lapalme, 2004).

Pour illustrer cette distinction, prenons l'exemple d'une base de données juridiques. Un jugement légal peut être considéré comme un cas non-structuré, car il est généralement composé d'un texte libre qui décrit les faits, les arguments juridiques et la décision. Par contre, une base de données de cas

juridiques pourrait contenir des cas semi-structurés, où chaque cas est composé de différents attributs étiquetés, tels que "Faits", "Argumentation", "Décision", etc., chacun contenant du texte structuré.

3. Format conversationnel

D'après les auteurs (Aha et al., 2001), la représentation conversationnelle d'un cas se décompose en trois éléments principaux, à savoir le Problème, les Questions-Réponses, et l'Action. Ces éléments sont décrits de la manière suivante :

- La partie Problème : Cette section comprend une brève description textuelle du problème traité, généralement composée de quelques lignes. Son rôle est d'introduire le contexte et la nature du problème abordé.
- La partie Questions-Réponses : Cette section comprend une série de questions et de réponses, organisées sous forme d'index. Le nombre de questions et de réponses peut différer selon les cas. Chaque question peut être attribuée un poids, indiquant son importance relative dans le contexte. Cette partie offre un approfondissement des détails du problème et des solutions proposées.
- La partie Action : Tout comme la partie Problème, cette section est une description textuelle, mais cette fois-ci elle se concentre sur la solution proposée pour résoudre le problème évoqué. Elle expose en détail la démarche ou l'action recommandée pour résoudre le problème.

Il est crucial de souligner que les sections Problème et Action ne sont pas organisées de manière structurée et sont rédigées sous forme de texte libre.

4. Format hybride

Un cas est généralement représenté en utilisant un format hybride, qui combine au moins deux formats différents. Ce format hybride est conçu pour saisir de manière plus complète et précise les données essentielles à la résolution du problème spécifique lié au cas étudié.

1.6 Cycle du RàPC

Différentes méthodes ont été élaborées pour systématiser le processus de raisonnement basé sur les cas (RàPC). Parmi celles-ci, le modèle R5, dont la représentation graphique est exposée dans la Figure 1.4, se distingue comme une itération avancée du modèle initialement proposé par Aamod et Plaza en 1994. Il est aujourd'hui largement adopté au sein de nombreuses applications concrètes de RàPC (Reyes et al., 2015).

Le modèle R5 se compose de cinq étapes distinctes qui structurent le processus de raisonnement basé sur les cas. Chaque étape joue un rôle crucial pour garantir une application efficace des cas antérieurs dans la résolution des problèmes actuels.

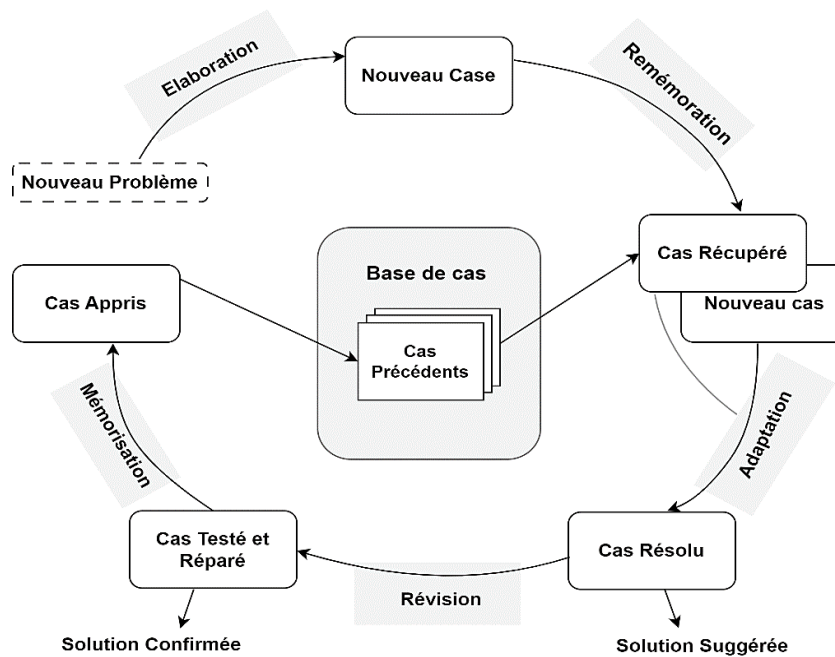


Figure 1.4. Différentes étapes du raisonnement à partir de cas (Reyes et al., 2015).

1.6.1 Les étapes du cycle RàPC

Cette section présente en détail les différentes phases clés qui composent le cycle du raisonnement à partir de cas.

1.6.1.1 Elaboration

L'étape de formulation des cas est essentielle dans le processus de raisonnement par analogie (RàPC). Son but principal est de représenter de manière claire et cohérente les aspects descriptifs du problème du cas cible, tout en s'assurant qu'ils sont en adéquation avec les descriptions des problèmes existants dans la base de cas. Pour y parvenir, cette phase s'appuie sur un format adapté au domaine concerné, comme mentionné précédemment dans la section 1.5.3. De plus, cette phase s'attelle à compléter ou à affiner la description du problème, en tirant parti de la connaissance du domaine pour déduire toutes les informations possibles, même à partir d'une description potentiellement incomplète.

Cette étape constitue un maillon essentiel dans le cycle de RàPC, contribuant de manière significative à l'efficacité globale du système en facilitant la recherche et la récupération des solutions adaptées.

1.6.1.2 Remémoration

L'étape de remémoration ou recherche (retrieval en anglais) est une étape cruciale au sein du processus du raisonnement à partir de cas (RàPC). Il joue un rôle crucial en choisissant des cas pertinents dans la base de données, lesquels serviront de références pour résoudre le problème en cours (Fei &

Feng, 2020). Cette étape vise principalement à repérer des cas sources comparables au cas cible, c'est-à-dire des cas qui nécessitent peu de modifications pour être adaptés au problème en question (Sollenborn, 2004).

La phase de remémoration s'appuie sur deux approches distinctes :

- La première méthode se focalise sur la similarité entre le cas source et le cas cible, cherchant à identifier dans la base de cas celui qui présente le plus de similitudes, en évaluant leur correspondance. Cela facilite leur adaptation au nouveau contexte.
- La deuxième approche, en plus de la similarité, prend en compte la diversité. Son objectif est de remémorer des cas similaires tout en favorisant la sélection de cas qui présentent des différences significatives entre eux (Smyth & McClave, 2001).

Pour atteindre ces objectifs, plusieurs techniques sont couramment utilisées lors de la phase de remémoration.

À l'issue de cette phase, le résultat obtenu devient l'entrée essentielle de la phase suivante si nécessaire, à savoir l'adaptation.

1.6.1.3 Adaptation

La phase d'adaptation, également appelée phase de réutilisation, dans le cadre du cycle du raisonnement à partir de cas (RàPC) consiste à élaborer une solution pour un problème inédit en s'appuyant sur les solutions issues des cas précédemment mémorisés (De Mantaras et al., 2005). Selon Fuchs et ses collègues (1999), cette étape peut être vue comme une feuille de route, avec un état initial représentant la solution de départ et un état final correspondant à la solution adaptée (Fuchs et al., 1999).

Dans de nombreux cas pratiques, les solutions sont souvent réutilisées telles quelles. Cependant, il est fréquemment nécessaire d'apporter des ajustements pour corriger les écarts entre le problème actuel et les problèmes antérieurs, ainsi que pour répondre aux exigences spécifiques du problème en cours, comme l'ont illustré Maher et Pu (Maher & Pu, 1997).

Cette étape peut être effectuée soit manuellement par une personne, soit de manière automatisée à l'aide d'algorithmes, de règles, de méthodes et d'autres techniques. Pour ce qui est de l'adaptation automatique, Wilke et Bergmann ont identifié les principaux types de cette approche. La Figure 1.5 présente ces principaux types d'adaptation automatique.

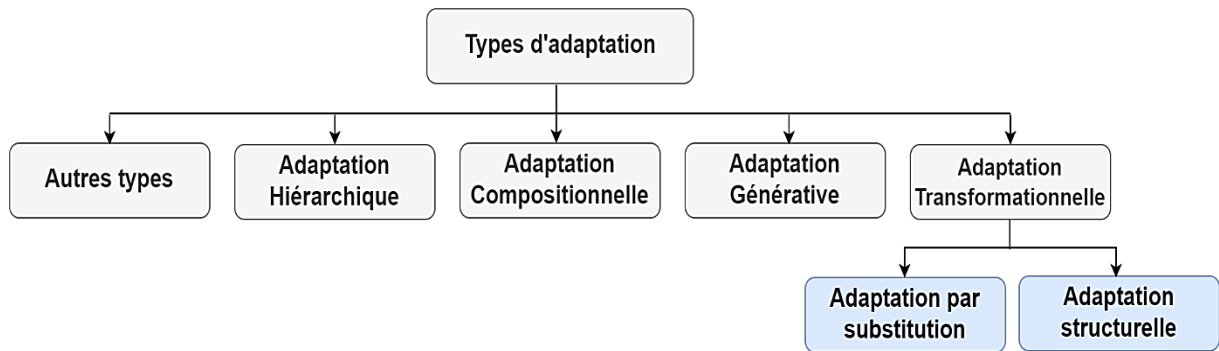


Figure 1.5. Adaptation automatique dans les systèmes de raisonnement à partir de cas (Wilke & Bergmann, 1998).

➤ Adaptation transformationnelle

L'adaptation transformationnelle, proposée par Carbonell dans (Carbonell, 1983), part du principe que des éléments de réponse existent pour résoudre un problème, cependant, il est nécessaire de procéder à des ajustements en raison des variations contextuelles entre le cas d'origine et le cas visé. Cette approche repose sur la notion que des réponses déjà établies peuvent être ajustées, supprimées ou ajoutées à l'aide d'un ensemble de règles d'adaptation, en fonction des divergences contextuelles observées.

➤ Adaptation générative

Contrairement à l'adaptation transformationnelle, cette approche ne cherche pas à appliquer directement la solution d'un problème antérieur à un nouveau problème. Au lieu de cela, elle se concentre sur le transfert des démarches qui ont permis de trouver la solution au problème précédent. Cette méthode met en évidence les éléments du processus de résolution qui peuvent être adaptés et utilisés dans le contexte du problème actuel.

➤ Adaptation compositionnelle

Cette forme d'adaptation consiste à assembler des éléments de solutions provenant de divers cas antérieurs pour élaborer une solution intégrée (Wilke & Bergmann, 1998). Il s'agit d'une approche où plusieurs cas sont simultanément utilisés dans le but de construire la solution finale du cas cible, de manière à répondre de manière adéquate aux exigences de l'utilisateur. Cette méthode d'adaptation fait généralement appel à un algorithme récursif qui sélectionne progressivement les cas similaires au cas cible pour contribuer à la solution en cours de construction.

➤ Adaptation hiérarchique

L'adaptation hiérarchique se distingue par une structuration particulière des cas dans la base de données, où ceux-ci sont organisés selon une hiérarchie et classés en différents niveaux d'abstraction. Plus précisément, le processus d'adaptation s'opère au niveau le plus élevé de cette hiérarchie d'abstraction.

D'autres types d'adaptation sont exploitées à travers diverses études présentes dans la littérature..

1.6.1.4 Révision

Lors de la phase de révision, la solution développée durant la phase d'adaptation fait l'objet d'une évaluation détaillée, comprenant diverses actions potentielles (Mille, 1999b) :

- Mise à l'épreuve de la solution dans le monde réel pour évaluer son efficacité et sa pertinence.

La phase de révision a pour but de continuer à développer la solution envisagée, si cela s'avère nécessaire. Ainsi, si les étapes antérieures montrent que la solution ne répond pas aux attentes, des corrections sont entreprises. Ces corrections peuvent être apportées par différentes parties prenantes, notamment :

- L'utilisateur, qui peut fournir son évaluation personnelle de la solution proposée par le système RàPC.
- Un expert humain, dont l'expertise dans le domaine en question peut être cruciale pour apporter des améliorations.
- Un processus automatisé basé sur l'auto-évaluation à l'aide de la base de cas.

1.6.1.5 Mémorisation

La phase de mémorisation, qui est cruciale dans le raisonnement basé sur des cas, se déroule après la phase de Révision, durant laquelle le cas en question est analysé. Son rôle central consiste à intégrer ce cas cible, incluant le problème spécifique et sa solution associée, au sein de la base de cas existante. Cette étape est cruciale, car elle joue un rôle essentiel dans l'enrichissement de la base de cas, augmentant ainsi les connaissances nécessaires pour résoudre de futurs défis.

Il est toutefois crucial de souligner que la collecte des cas doit se faire avec rigueur pour assurer la qualité et la pertinence de la base de cas, afin d'éviter les effets négatifs d'une accumulation non contrôlée (Sampaio et al., 2014). À cette fin, plusieurs approches ont été suggérées. L'une d'entre elles propose de réorganiser la base de données des cas chaque fois qu'un nouveau cas est intégré. Cette méthode cherche à conserver seulement les cas les plus pertinents, en éliminant ceux qui sont redondants ou moins significatifs (Khan et al., 2019). Conformément à la perspective de Nouaouria (Nouaouria, 2013),

une approche plus sélective est envisageable. Elle repose sur l'utilisation de critères spécifiques pour déterminer si un nouveau cas mérite d'être intégré à la mémoire de cas actuelle. Un cas est considéré comme utile à apprendre s'il offre la possibilité, en utilisant les mécanismes d'adaptation, d'atteindre une solution qui n'était pas accessible auparavant.

1.7 Avantages et limites du RàPC

Cette section présente une analyse des principaux avantages et inconvénients associés au Raisonnement à Partir de Cas, tels qu'identifiés dans la littérature scientifique.

1.7.1 Bénéfices du RàPC

Les systèmes de Raisonnement à partir de Cas (RàPC) offrent plusieurs avantages notables. En premier lieu, ils simplifient l'acquisition des connaissances en évitant l'extraction d'un modèle formel ou d'un ensemble de règles à partir des expériences passées (Begum et al., 2010).

Au lieu de cela, les connaissances en RàPC sont généralement moins formelles et structurées, offrant ainsi une approche plus pratique et intuitive pour les utilisateurs qui peuvent recueillir et stocker des connaissances sous forme de cas.

Les systèmes de RàPC contribuent à prévenir la récurrence des erreurs en documentant à la fois les réussites et les échecs (Lamontagne & Lapalme, 2002). Ces enregistrements peuvent être utilisés pour prédire ou éviter des échecs similaires dans des problèmes futurs.

Un autre avantage réside dans la capacité du RàPC à fonctionner efficacement dans des domaines d'application où la connaissance du domaine n'est pas entièrement connue, formalisée ou quantifiée. Cela en fait une solution flexible pour des contextes variés (Pal et al., 2012).

De plus, à mesure que de nouveaux cas sont ajoutés au système RàPC, sa capacité de raisonnement s'améliore (Aha & Breslow, 1997). Il peut analyser une gamme plus étendue de situations avec une précision accrue. Même dans des domaines où seuls quelques exemples sont présents, un système RàPC peut partir de ces cas existants et élargir ses connaissances de manière progressive au fur et à mesure que de nouveaux cas sont introduits.

Enfin, l'efficacité en termes de temps dans la résolution des problèmes est un avantage essentiel. Dans des domaines où la résolution d'un cas nécessite une quantité significative de temps et d'efforts, le RàPC offre une alternative attrayante en permettant la réutilisation ou l'adaptation de solutions basées sur des cas passés (Gu et al., 2017).

1.7.2 Limites du RàPC

Bien que les systèmes de raisonnement basé sur des cas offrent de nombreux avantages, ils présentent aussi certaines limitations. Parmi ces limites, l'une des plus prégnantes réside dans la phase

de remémoration, qui revêt une importance cruciale pour le bon déroulement de l'ensemble du processus. Parfois, cette phase ne parvient pas à fournir une solution concrète à un problème donné, mais génère plutôt un ensemble de solutions potentielles qui ne contribuent pas de manière significative à la résolution de ce problème (Devèze & Fouquin, 2004).

Plus précisément, le choix d'une métrique de similarité adaptée est un facteur déterminant pour les performances du système. Par conséquent, de nombreuses recherches se sont focalisées sur le développement de mesures de similarité génériques (Mille, 1999a) visant à renforcer la fiabilité de cette phase de remémoration.

Prenons l'exemple d'un scénario médical où un système de RàPC doit diagnostiquer une maladie rare pour laquelle il n'existe que quelques cas similaires dans la base. Choisir des cas similaires est essentiel pour garantir un diagnostic précis. En cas de métrique de similarité inadéquate, le système pourrait générer des solutions potentielles qui ne correspondent pas à la réalité médicale, mettant ainsi en danger la vie du patient.

De plus, le stockage et la maintenance d'une grande base de cas peuvent devenir fastidieux et exiger des ressources informatiques considérables (Watson, 1999). L'organisation et l'indexation des cas représentent donc des enjeux clés.

Enfin, l'adaptation des cas remémorés pour répondre à de nouveaux problèmes n'est pas toujours évidente, en particulier dans des domaines complexes nécessitant une profonde connaissance (Bergmann & Wilke, 1995).

Malgré ces limites, de nombreux travaux s'efforcent d'améliorer les performances et la robustesse des systèmes de RàPC dans une grande variété d'applications. Cette approche conserve des atouts certains en termes de flexibilité et d'apprentissage incrémental à partir de l'expérience.

1.8 Domaine d'application du RàPC

Le raisonnement basé sur les cas est une méthode d'intelligence artificielle qui a prouvé son efficacité dans divers secteurs d'application (Weber & Richter, 2013) nécessitant l'exploitation de connaissances et d'expériences passées. La Figure 1.6 illustre la diversité des domaines d'application du RàPC.

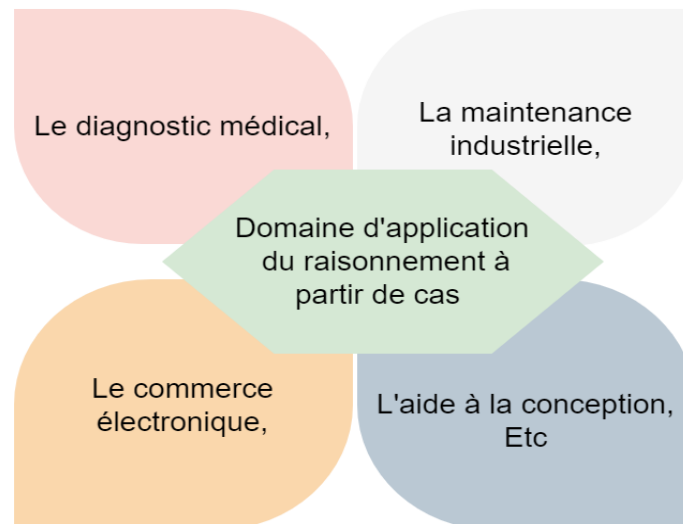


Figure 1.6. Variétés d'applications du raisonnement à partir de cas.

Depuis les débuts des recherches sur le RàPC, diverses applications ont été développées dans le domaine du diagnostic médical, où cette approche permet de recommander des traitements en réutilisant des cas similaires déjà traités. Le RàPC est également employé en droit, pour recommander des peines ou estimations de dommages en se basant sur des jurisprudences antérieures (Rissland et al., 2005).

D'autres domaines comme la maintenance industrielle (Wan et al., 2019), l'aide à la conception (Maher et al., 2014) ou la planification (Jiang et al., 2019) ont aussi tiré parti du RàPC. Plus récemment, des applications prometteuses ont émergé en commerce électronique pour la recommandation personnalisée (Wattimena & Rofi'i, 2023), ainsi qu'en classification de texte et traitement de la langue naturelle (Ceausu & Despres, 2007).

Cette diversité s'explique par la capacité du RàPC à s'adapter à tout domaine où les expériences passées sont cruciales pour résoudre de nouveaux problèmes. Son applicabilité est ainsi très large et continue de s'enrichir avec l'émergence de nouveaux cas d'usage.

1.9 Conditions d'applicabilité du raisonnement à partir de cas

Bien que le raisonnement à partir de cas (RàPC) soit précieux dans divers domaines et pour résoudre un large éventail de problèmes, il est essentiel de reconnaître qu'il n'est pas toujours la méthodologie la plus adéquate (Watson, 1998). L'application du RàPC dépend de certaines hypothèses relatives au type de problème et au domaine d'étude, comme souligné par Kolodner (Kolodner & Leake, 1996). Ces hypothèses comprennent :

- **Similarité** : L'utilisation de cas antérieurs pour résoudre de nouveaux problèmes similaires repose sur l'idée que des problèmes similaires peuvent être résolus par des solutions similaires.

- **Facilité d'ajustement** : Les écarts entre les descriptions des cas doivent être minimales et faciles à évaluer.
- **Typicalité** : Les problèmes doivent être fréquents, et les expériences antérieures doivent pouvoir être appliquées de manière utile à des situations futures.
- **Régularité** : Les mêmes actions entreprises dans les mêmes conditions doivent entraîner des résultats identiques ou similaires.
- **Cohérence** : Les petits changements dans l'environnement ne doivent nécessiter que de légères adaptations dans la solution.

Main et al. (Main et al., 2001) ont souligné que le RàPC n'est applicable que si plusieurs caractéristiques du problème et du domaine sont satisfaites :

- **Importance de l'Adaptation des Solutions** : Si l'adaptation des solutions existantes ne procure pas d'avantages significatifs par rapport à la construction d'une nouvelle solution, une autre méthodologie peut être préférable. Les critères d'évaluation incluent le temps de traitement et de résolution.
- **Reproduction des Situations** : Si les situations ne présentent pas des similitudes suffisantes avec les problèmes à résoudre pour permettre une adaptation efficace, il peut être préférable d'utiliser un modèle qui génère la solution de manière complète.
- **Émergence de Nouveaux Cas et Exceptions** : Si le domaine ne comporte pas de cas inédits ou d'exceptions, il peut être préférable d'adopter une approche fondée sur des règles.

Lorsque toutes ces conditions sont réunies, l'implémentation d'un système de RàPC devient une possibilité, ouvrant ainsi la voie à l'exploration du domaine d'application. Toutefois, cette exploration est conditionnée par la nature de l'application, ses particularités et les objectifs visés. Les systèmes de RàPC peuvent différer selon la manière dont les cas sont formalisés, l'utilisation des modèles de connaissance, les phases du cycle de résolution, ainsi que les algorithmes et méthodes employés à chaque étape.

1.10 Conclusion

En conclusion, ce chapitre a présenté les concepts fondamentaux du raisonnement à partir de cas, une approche prometteuse en intelligence artificielle. Nous avons clarifié la notion de cas et examiné les diverses façons dont elle peut être représentée. Le cycle du RàPC a été décrit en détail avec ses étapes clés d'élaboration, remémoration, adaptation, révision et mémorisation.

Les avantages de cette approche résident dans sa capacité à capitaliser sur des expériences passées pour résoudre de nouveaux problèmes. Elle permet également un apprentissage continu à

mesure que de nouveaux cas sont ajoutés. Cependant, il est crucial de reconnaître certaines limitations du RàPC, en particulier en ce qui concerne la recherche de cas analogues.

Nous avons pu constater la large applicabilité du RàPC dans des domaines variés nécessitant l'exploitation de connaissances expertes. Toutefois, son adoption doit être évaluée au regard de critères liés aux types de problèmes et à leur contexte.

Chapitre Deux :

Apprentissage Profond (Deep Learning)

Chapitre deux :

Apprentissage Profond (Deep Learning)

2.1 Introduction

L'apprentissage profond (deep learning en anglais) est l'un des domaines les plus prometteurs et en plein essor de l'intelligence artificielle ces dernières années. En utilisant des réseaux de neurones artificiels à plusieurs couches, cette méthode montre des résultats remarquables dans diverses applications.

Ce chapitre a pour objectif d'explorer les fondements théoriques et pratiques de l'apprentissage profond. Dans un premier temps, nous esquissons brièvement le contexte historique ayant conduit à l'émergence de cette discipline. Nous présentons d'abord les concepts fondamentaux des réseaux de neurones artificiels, qui sont à la base des modèles d'apprentissage profond. Ensuite, nous explorons en détail les principales architectures de réseaux profonds, comme les réseaux de neurones convolutifs et récurrents, entre autres. Nous examinons également les mécanismes d'apprentissage essentiels pour l'entraînement de ces modèles.

De plus, nous classifions les différentes approches de l'apprentissage profond et évoquons les avantages ainsi que les limites de cette discipline. Enfin, nous présentons quelques domaines d'application majeurs de cette technologie.

2.2 Historique et évolution de l'apprentissage profond

L'idée de concevoir une machine capable de simuler le fonctionnement du cerveau humain a été le rêve des penseurs depuis des siècles. Les origines de l'apprentissage profond remontent à l'an 300 avant notre ère lorsque Aristote a formulé le concept d'associationnisme. Cela marque le début de l'ambition humaine de comprendre le cerveau, car une telle idée nécessitait une compréhension du mécanisme des systèmes de reconnaissance humaine.

L'histoire moderne de l'apprentissage profond débute en 1943 avec l'introduction du modèle McCulloch-Pitts (MCP) (McCulloch & Pitts, 1943), qui devient le prototype des modèles neuronaux artificiels. Ils ont créé un modèle informatique basé sur des réseaux neuronaux imitant fonctionnellement le néocortex des cerveaux humains. Ils ont utilisé une combinaison d'algorithmes et de mathématiques appelée "logique de seuil" pour imiter le processus de pensée humaine, bien que sans capacité d'apprentissage.

Depuis lors, l'apprentissage profond a évolué de manière constante, marqué par plusieurs jalons significatifs. Après le modèle MCP, la théorie de Hebb (Hebb, 2005), initialement conçue pour les systèmes biologiques dans un environnement naturel, a été appliquée. En 1958, le premier dispositif électronique appelé "perceptron" dans le contexte des systèmes cognitifs a été introduit, bien que différent des perceptrons modernes (Rosenblatt, 1958). Le perceptron ressemble davantage aux modèles actuels, capables de soutenir l'associationnisme. La prochaine étape majeure a été l'introduction des "backpropagandists" à la fin du premier hiver de l'intelligence artificielle. Werbos a introduit la rétropropagation (Rumelhart, Hinton, et al., 1986), une méthode utilisant les erreurs pour l'entraînement des modèles d'apprentissage profond, ouvrant ainsi la voie aux réseaux neuronaux modernes. En 1980, le "neocogitron", source d'inspiration du réseau de neurones convolutifs, a été introduit (Fukushima, 1980). Les réseaux neuronaux récurrents (RNN) ont été proposés en 1986.

Plus tard, dans les années 1990, LeNet a rendu les réseaux neuronaux profonds (DNN) opérationnels sur le plan pratique, bien que cette réalisation ne fût pas très reconnue en raison de limitations matérielles (LeCun et al., 1998). Vers 2006, les réseaux de croyances profondes en anglais Deep Belief Networks (DBN), accompagnés d'un modèle d'entraînement couche par couche, ont été développés (Hinton et al., 2006). L'idée était de former un modèle non supervisé simple à deux couches, similaire aux machines de Boltzmann restreintes (RBM), de figer tous les paramètres, d'ajouter une nouvelle couche et de ne former que les paramètres de la nouvelle couche.

Les chercheurs ont réussi à former des réseaux neuronaux beaucoup plus profonds que les tentatives précédentes en utilisant cette technique, ce qui a conduit à un repositionnement des réseaux neuronaux sous le nom d'apprentissage profond.

Émergent des réseaux de neurones artificiels (ANN) et après des années d'évolution, l'apprentissage profond est maintenant l'un des outils les plus performants dans le domaine des algorithmes d'apprentissage automatique. Il comprend plusieurs approches, telles que les DBN, les RBM, les RNN, ainsi que les réseaux de neurones convolutifs (CNN), entre autres.

2.3 Introduction aux réseaux de neurones artificiels

Les éléments essentiels des réseaux de neurones artificiels sont appelés neurones artificiels, ou simplement neurones ou nœuds, en particulier par le fonctionnement des neurones dans le cerveau (Hebb, 2005). La première vague d'intérêt pour les réseaux neuronaux, aussi appelés modèles connexionnistes (Rumelhart, McClelland, et al., 1986) ou traitement parallèle distribué, s'est intensifiée après l'introduction par McCulloch et Pitts en 1943 de modèles neuronaux simplifiés (Rumelhart, McClelland, et al., 1986).

Les éléments essentiels des réseaux de neurones artificiels sont appelés neurones artificiels, ou simplement neurones ou nœuds. Dans un modèle mathématique simplifié représentant le neurone (Rosenblatt, 1958), les synapses, qui correspondent aux points de connexion entre les neurones biologiques,

sont représentées par des poids de connexion qui ajustent l'influence des signaux d'entrée associés. La non-linéarité caractéristique des neurones est exprimée par le biais d'une fonction de transfert. L'impulsion neuronale, analogue à une décharge électrique, est calculée comme la somme pondérée des signaux d'entrée, modulée par la fonction de transfert. La capacité d'apprentissage d'un neurone artificiel est atteinte par l'ajustement des poids de connexion, via des règles d'apprentissage simples comme la règle delta ou la règle de Hebb (Haykin, 1998).

Une illustration d'un neurone artificiel typique (également appelé perceptron) et la modélisation d'un réseau neuronal multicouche (perceptron multicouches) sont présentées dans la Figure 2.1.

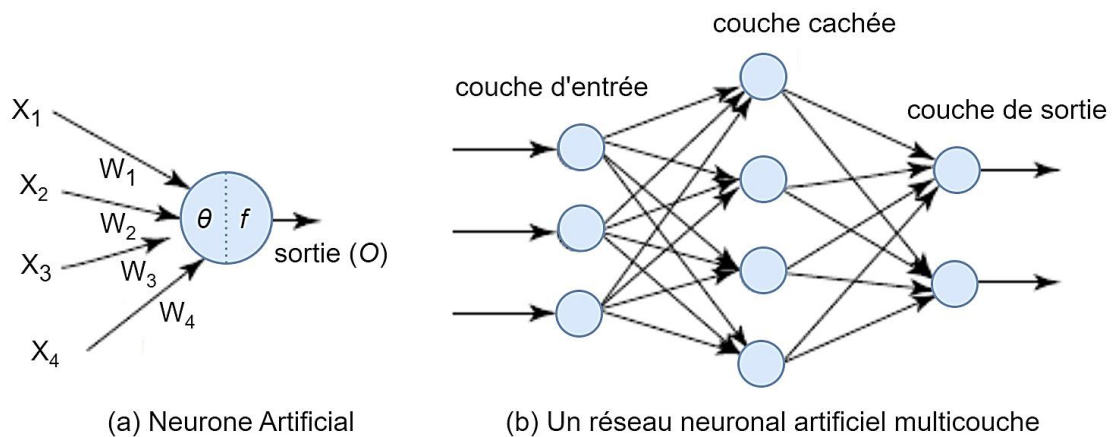


Figure 2.1. Architecture d'un neurone artificiel et d'un réseau neuronal multicouche (Abraham, 2005).

En référence à la Figure 2.1, la représentation schématique de la circulation des signaux entre les entrées (X_1, \dots, X_n) et le neurone (O) est unidirectionnelle, symbolisée par des flèches. Le signal de sortie du neurone (O) est exprimé par l'équation 2.1 suivante :

$$O = f(\text{net}) = f\left(\sum_{j=1}^n w_j x_j + b\right) \quad (2.1)$$

Où w_j est le vecteur de poids, b est le biais, et la fonction $f(\text{net})$ est désignée comme une fonction de transfert (ou d'activation). La variable net est définie comme le produit scalaire entre le vecteur de poids et le vecteur d'entrée, conformément à l'équation 2.2 :

$$\text{net} = w^T x + b = w_1 x_1 + \dots + w_n x_n + b \quad (2.2)$$

Où T est la transposition d'une matrice. Dans le cas le plus élémentaire, la valeur de sortie O est calculée selon l'équation 2.3 :

$$O = f(\text{net}) = \begin{cases} 1 & \text{si } \text{net} \geq \theta \\ 0 & \text{sinon} \end{cases} \quad (2.3)$$

Où θ est désigné comme le seuil, et ce type de nœud est appelé une unité de seuil linéaire.

Il est crucial de choisir la méthode de calcul de la sortie O en fonction du type de réseau neuronal et de la tâche spécifique. Les réseaux neuronaux contemporains adoptent souvent des fonctions de transfert

sophistiquées telles que la sigmoïde, la fonction d'activation ReLU (Rectified Linear Unit), ou la tangente hyperbolique (tanh), afin de modéliser plus efficacement des relations non linéaires dans des problèmes complexes (Haykin, 1998). Cependant, la forme simple avec une fonction de seuil (équation 2.3) est souvent utilisée pour expliquer les concepts de base des neurones artificiels (Nielsen, 2015), car elle est plus intuitive et facile à comprendre.

Tableau 2.1 : Fonctions d'activation fréquemment utilisées dans les Réseaux de Neurones Modernes.

Fonction d'activation	Formule	Caractéristiques
Sigmoïde	$f(x) = \frac{1}{(1+e^{-x})}$	Plage de sortie entre 0 et 1, utile pour la classification binaire. Souvent employée dans les couches de sortie.
Unité de Rectification Linéaire (ReLU)	$f(x) = \max(0, x)$	Simple, efficace et accélère la convergence lors de l'apprentissage. Souvent utilisée dans les couches caches
Tangente Hyperbolique (Tanh)	$f(x) = \frac{e^x - e^{-x}}{e^x + e^{-x}}$	Plage de sortie entre -1 et 1, similaire à la sigmoïde mais centrée en zéro.
Unité linéaire rectifiée paramétrique (Leaky ReLU)	$f(x) = x$ si $x > 0$, sinon $f(x) = \alpha x$ avec α petit et positif	Variante de ReLU avec une pente faible pour traiter le problème de "dying ReLU".
Exponentielle Linéaire (ELU)	$f(x) = x$ si $x > 0$, sinon $f(x) = \alpha (e^x - 1)$	Comme ReLU, mais avec des valeurs négatives plus douces et une saturation négative.
Softmax	$f(x)_i = \frac{e^{x_i}}{\sum_{k=1}^K e^{x_k}}$	Employée dans les couches de sortie pour la classification multiclasse, elle transforme un vecteur de scores en une probabilité répartie

2.3.1 Architectures des réseaux de neurones artificiels

Les réseaux de neurones artificiels se divisent en deux catégories principaux (Schmidhuber, 2015), comme le montre la Figure 2.2. Un réseau de neurones à propagation avant (ou réseau de neurones feedforward, FFNN) est composé de couches agencées de manière analogue aux unités de traitement des neurones humains.

Dans un FFNN, chaque neurone d'une couche est relié à tous les neurones de la couche suivante. Ces connexions entre les couches ont des poids différents qui encodent l'importance de chaque lien. Le traitement de l'information au sein du réseau consiste en l'introduction des données via les unités d'entrée. Ces données se déplacent à travers le réseau, traversant différentes couches, jusqu'à parvenir aux unités de sortie. Lorsqu'un FFNN est utilisé pour la classification, il n'y a pas de rétroaction entre les couches. L'information se propage uniquement des nœuds d'entrée vers les nœuds cachés, puis vers la sortie. En raison de ce comportement, ils sont appelés réseaux neuronaux à propagation avant (McCulloch & Pitts, 1943). Les architectures typiques de FFNN incluent le perceptron simple (Rosenblatt, 1958), le perceptron multicouche (Rumelhart, Hinton, et al., 1986) et le réseau de fonctions de base radiale (Montazer et al., 2018).

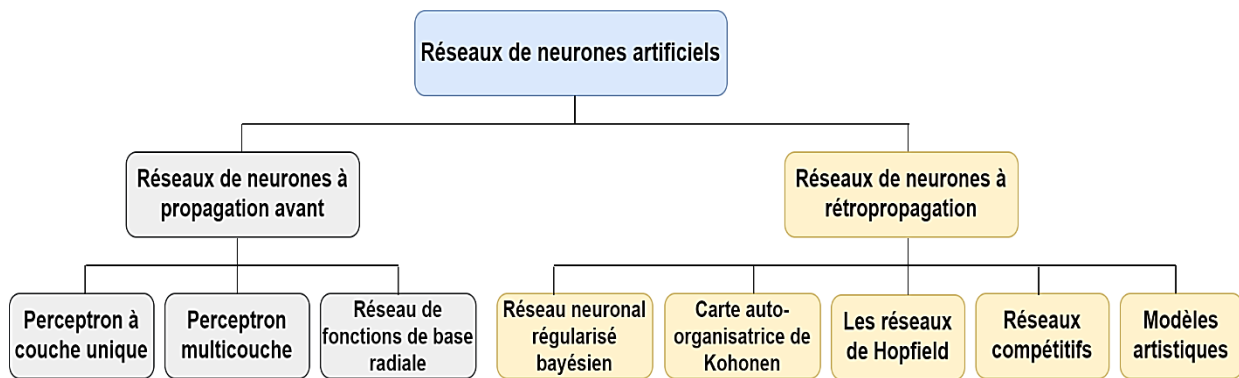


Figure 2.2. Les différentes architectures des réseaux de neurones artificiels (Schmidhuber, 2015).

À la différence des réseaux de neurones à propagation avant qui ne permettent qu'un flux d'information unidirectionnel, les réseaux à rétropropagation ou FBNN (de l'anglais Feed-Backward Neural Networks) autorisent des connexions dans le sens inverse. Autrement dit, le signal peut se propager depuis les couches de sortie vers les couches d'entrée (Graves et al., 2013).

Cette capacité de rétroaction confère aux FBNN des propriétés dynamiques intéressantes (Elman, 1990). Ils peuvent exhiber un comportement temporel en traitant des séquences d'entrées de manière séquentielle. Les FBNN conservent une trace des entrées passées sous la forme d'un état interne, incorporant ainsi une mémoire à court-terme.

Les architectures de réseaux de neurones basées sur les fonctions de base incluent, entre autres, les réseaux de Hopfield (Hopfield, 1982), et les cartes auto-organisatrices de Kohonen (Kohonen, 1990), etc. Ces derniers sont particulièrement adaptés au traitement de séries temporelles telles que des signaux audio ou vidéo. Les FBNN sont donc mieux adaptés aux tâches nécessitant une gestion de dynamiques temporelles complexes.

Les réseaux de neurones, qu'ils soient de type FFNN ou FBNN, sont considérés comme des réseaux profonds lorsqu'ils possèdent au moins deux couches cachées. Cette architecture plus complexe, résultant de la présence de plusieurs couches intermédiaires, augmente la capacité du réseau à traiter des informations (Schmidhuber, 2015).

2.4 Architectures de l'apprentissage profond

L'apprentissage profond, ou Deep Learning (DL), est une méthode d'intelligence artificielle et d'apprentissage automatique (Machine Learning, ML) qui utilise des réseaux de neurones artificiels avec plusieurs couches de traitement. Comme l'explique LeCun et al. (LeCun et al., 2015), cette approche permet aux modèles informatiques, grâce à leurs architectures multicouches, de développer des représentations des données à divers niveaux d'abstraction.

Le cœur de l'apprentissage profond repose sur une approche séquentielle où chaque couche du réseau applique une transformation non linéaire à la sortie de la couche précédente. Ce processus permet de calculer des caractéristiques de plus en plus complexes et abstraites à mesure que l'information progresse à travers le réseau.

L'un des principaux avantages de l'apprentissage profond est sa capacité à automatiser l'extraction des caractéristiques, contrairement aux méthodes d'apprentissage automatique traditionnelles qui requièrent une extraction manuelle. Les algorithmes d'apprentissage profond sont capables d'apprendre de manière autonome des descripteurs et des représentations hiérarchiques des données.

Dans cette section, nous explorerons certaines des architectures importantes d'apprentissage profond récemment développées pour diverses applications (voir Figure 2.3). Dans le cadre de notre recherche, nous déployons une architecture de réseaux de neurones convolutifs ainsi que divers modèles de référence associés.

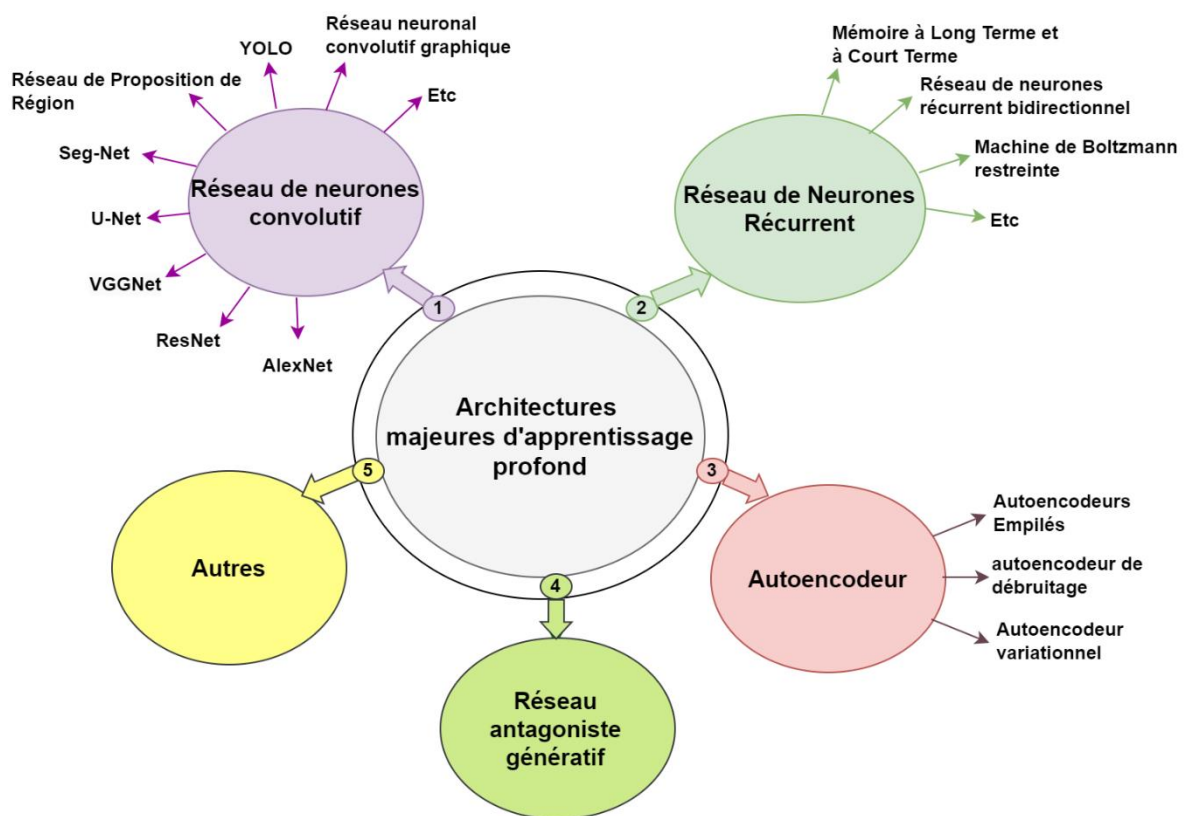


Figure 2.3. Les architectures majeures d'apprentissage profond (Piccialli et al., 2021).

2.4.1 Réseau de neurones convolutif

Les réseaux de neurones convolutifs (CNN), qui tirent leur inspiration de l'architecture du cortex visuel, sont largement employés en vision par ordinateur pour des tâches telles que la reconnaissance d'images et la classification de vidéos (Goodfellow et al., 2016). En outre, ces réseaux trouvent également des applications dans divers domaines comme le traitement du langage naturel, la recherche pharmaceutique et

la prédiction de maladies. Il existe de nombreux modèles de CNN correspondant à différentes architectures, parmi les plus connus : AlexNet (Krizhevsky et al., 2012), ResNet (He et al., 2016), VGGNet (Simonyan & Zisserman, 2014), U-Net (Ronneberger et al., 2015), YOLO (Redmon et al., 2016), etc.

Un réseau de neurones convolutifs (CNN) se compose de plusieurs couches de convolution et de mise en commun (pooling), suivies par des couches entièrement connectées. En sortie, on trouve souvent une couche de normalisation softmax. De plus, des couches de normalisation par lots (batch normalization) et des couches de dropout sont généralement ajoutées entre les couches de convolution.

L'architecture LeNet-5 (voir Figure 2.4), développée par LeCun et ses collègues (LeCun et al., 1989) pour la reconnaissance des chiffres, démontre efficacement leur approche : les couches de convolution, situées en début de réseau, extraient des caractéristiques de plus en plus détaillées à mesure que l'on progresse vers les couches de sortie. Les couches entièrement connectées situées à la fin du réseau assurent la classification finale.

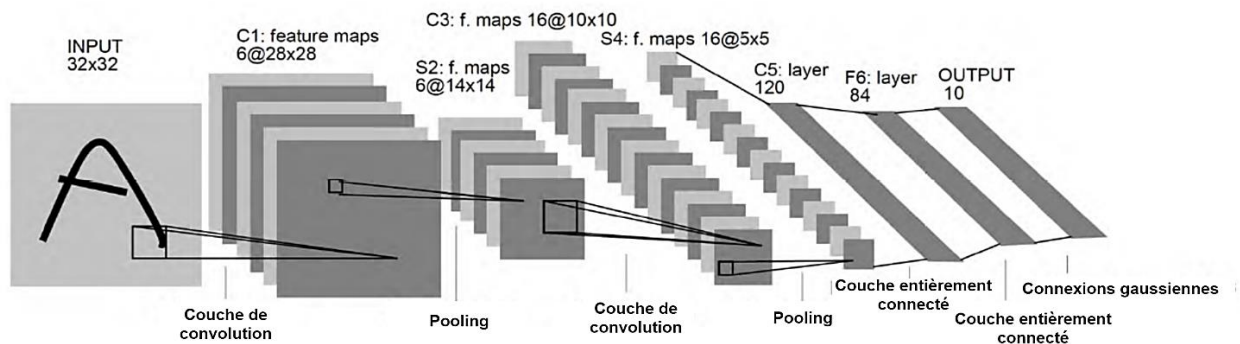


Figure 2.4. Architecture du réseau de neurones convolutif LeNet-5 en 7 couches pour la reconnaissance des chiffres (Shrestha & Mahmood, 2019).

Dans cette partie, nous présenterons en détail les différentes couches composant les CNN ainsi que leurs principes de fonctionnement.

2.4.1.1 Couche convolutionnelle (CONV)

La couche de convolution joue un rôle essentiel dans l'architecture des réseaux de neurones convolutifs (CNN) en effectuant l'extraction de caractéristiques. Elle combine généralement des opérations linéaires et non-linéaires, à savoir l'opération de convolution et la fonction d'activation (Yamashita et al., 2018).

- **La convolution**

L'opération de convolution constitue un aspect essentiel des réseaux de neurones convolutifs pour l'extraction de caractéristiques à partir des données d'entrée. Cette opération linéaire consiste à faire glisser un petit Tableau de nombres appelé noyau (ou filtre) le long du tenseur d'entrée pour calculer le

produit terme à terme (element-wise product) entre le noyau et le tenseur (Gu et al., 2018). Ce calcul génère en sortie des cartes de caractéristiques (feature maps) qui capturent les motifs locaux présents dans les données d'entrée (Figure 2.5). En appliquant plusieurs noyaux, on obtient plusieurs cartes de caractéristiques qui représentent différents motifs, comme des contours, des textures, etc.

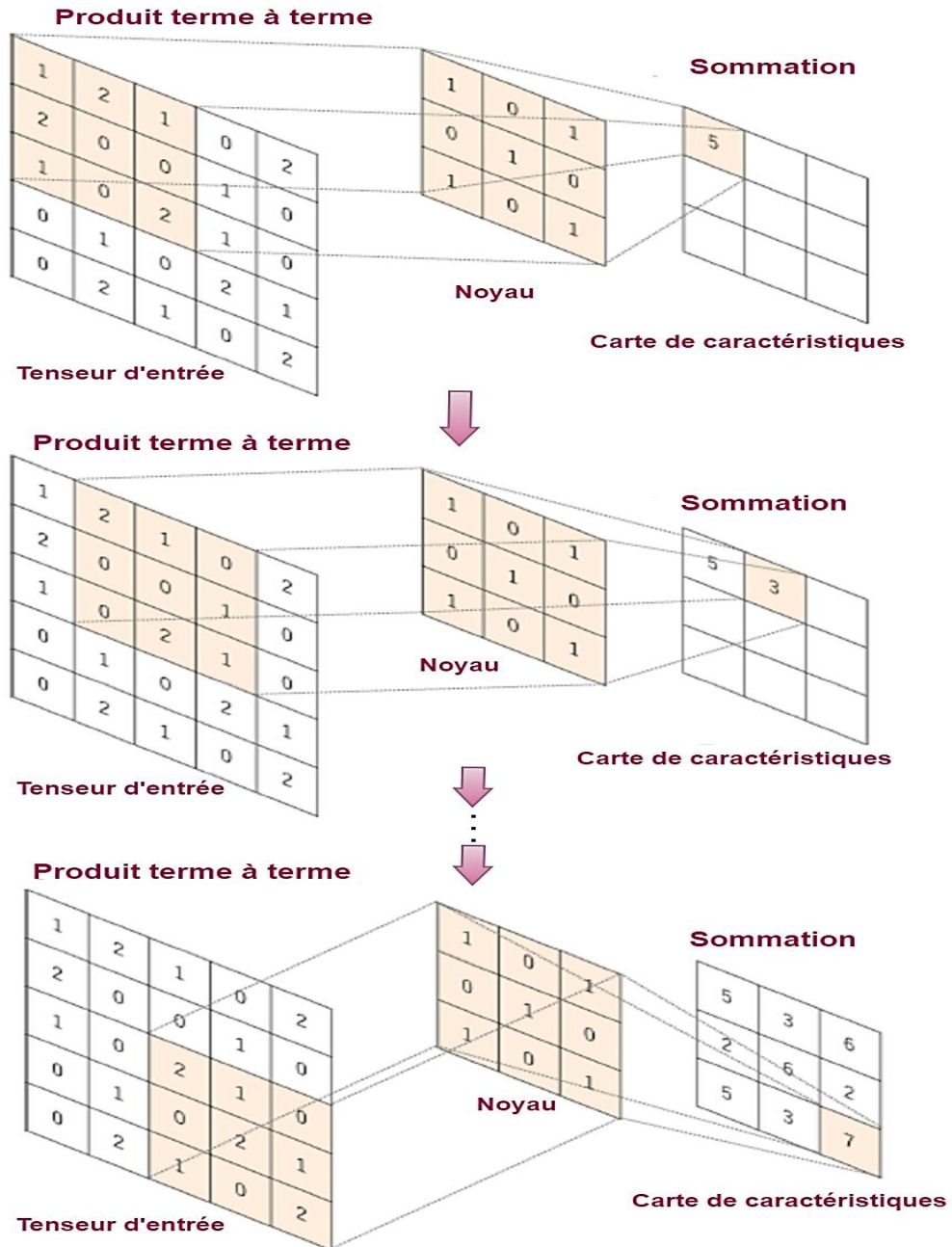


Figure 2.5. Illustration d'une opération de convolution utilisant un noyau de 3×3 , sans ajout de rembourrage (padding) et avec un pas de déplacement (stride) de 1 (Yamashita et al., 2018).

Deux hyperparamètres essentiels régissent le processus de convolution : la dimension du noyau (souvent 3×3 , 5×5 ou 7×7), qui définit la taille des motifs capturés, et la quantité de noyaux, qui détermine le nombre de cartes de caractéristiques générées.

D'autres méthodes, telles que le rembourrage (zero padding) (voir Figure 2.6) et le pas de convolution (stride), offrent un contrôle précis sur les dimensions spatiales des cartes de caractéristiques produites.

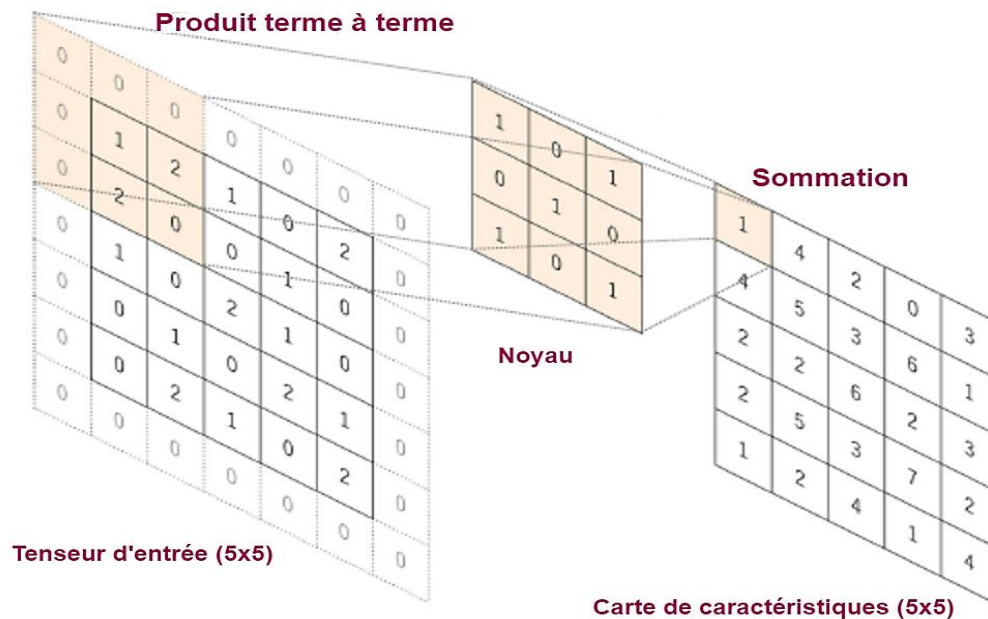


Figure 2.6. Opération de convolution avec padding zéro, un stride de 1, et un noyau de 3×3 (Yamashita et al., 2018).

L'intérêt principal de la convolution réside dans le fait de partager les poids au sein d'un même noyau. Cela permet au modèle de détecter des motifs visuels invariants par translation dans l'image. De plus, combinée à une mise en commun, la convolution apprend des représentations hiérarchiques des caractéristiques visuelles.

- **Fonction d'activation non linéaire**

Les résultats de l'opération de convolution linéaire sont ensuite traités par une fonction d'activation non linéaire. Malgré l'utilisation antérieure de fonctions non linéaires lisses, comme la fonction sigmoïde ou la tangente hyperbolique (voir Tableau 2.1), en raison de leur capacité à modéliser le comportement d'un neurone biologique, l'unité linéaire rectifiée (ReLU) est désormais la fonction d'activation non linéaire la plus couramment employée dans les réseaux de neurones convolutionnels (CNN).

2.4.1.2 Couche de mise en commun (pooling)

Les couches de pooling sont souvent employées dans les réseaux de neurones convolutionnels afin de diminuer la dimensionnalité spatiale des cartes de caractéristiques (Gong, Liu et al. 2014). Deux types principaux de pooling sont fréquemment utilisés : le pooling maximal (max pooling) et le pooling moyen (average pooling) (Gu et al., 2018).

La mise en commun maximale consiste à extraire des patches des cartes de caractéristiques d'entrée (Boureau et al., 2010), puis à ne conserver que la valeur maximale de chaque patch, en ne conservant que la valeur maximale et en ignorant toutes les autres valeurs (Figure 2.7). Cette procédure permet de diminuer la dimensionnalité spatiale des cartes de caractéristiques, introduisant ainsi une certaine invariance aux légères translations et déformations. En outre, elle réduit le nombre de paramètres à apprendre dans les couches suivantes du réseau. Typiquement, la mise en commun maximale est effectuée à l'aide de filtres de 2×2 avec un pas de 2.

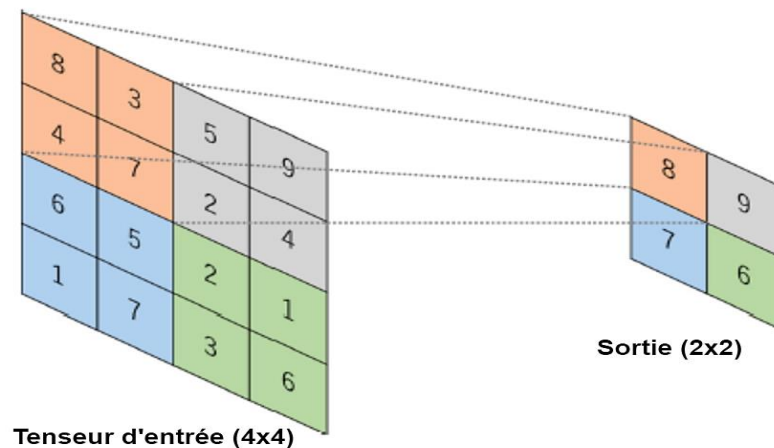


Figure 2.7. Illustration d'une opération de mise en commun maximale utilisant un filtre de dimensions 2×2 , sans ajout de remplissage et avec un pas de 2 (Yamashita et al., 2018).

La mise en commun moyenne globale quant à elle calcule la moyenne de tous les éléments présents dans chaque carte de caractéristiques (Zhou et al., 2016), produisant en sortie un tenseur $1 \times 1 \times N$ où N est le nombre de cartes. Cette procédure effectue un sous-échantillonnage sévère en réduisant à 1 la hauteur et la largeur, tout en maintenant la profondeur. La mise en commun moyenne globale est typiquement appliquée juste avant les couches entièrement connectées. Les principaux avantages incluent une réduction significative du nombre de paramètres à apprendre et la capacité du réseau à gérer des entrées de tailles variées. Ces deux méthodes de pooling contribuent à diminuer la résolution spatiale des cartes de caractéristiques tout en préservant les informations cruciales pour les tâches de classification ou de régression. Le choix entre le max pooling et l'average pooling est considéré comme un hyperparamètre à optimiser.

2.4.1.3 Couche entièrement connectée

Les cartes de caractéristiques générées par la couche finale de convolution ou de mise en commun sont habituellement transformées par une opération d'aplatissement (Simonyan & Zisserman, 2014), c'est-à-dire une transformation en un tableau unidimensionnel de nombres, avant d'être transmises à une ou plusieurs couches entièrement connectées, également connues sous le nom de couches denses. Dans ces dernières, chaque entrée est reliée à chaque sortie par un poids optimisé durant l'apprentissage.

La couche finale entièrement connectée a souvent un nombre de neurones de sortie équivalent au nombre de classes à prédire (Krizhevsky et al., 2017). Chaque couche entièrement connectée est suivie par une fonction d'activation non linéaire, comme la fonction ReLU. La fonction d'activation de la couche finale diffère généralement de celles des couches précédentes, et est choisie en fonction de la tâche spécifique à réaliser (Rawat & Wang, 2017). Par exemple, pour une classification multiclass, la fonction softmax est typiquement utilisée. Elle ajuste les valeurs de sortie de la dernière couche entièrement connectée pour les convertir en probabilités pour chaque classe, avec des valeurs allant de 0 à 1 qui totalisent 1. Concernant la classification binaire, la fonction sigmoid est généralement appliquée.

2.4.1.4 Couche de normalisation par lots

La normalisation par lots, ou Batch Normalization en anglais, est une méthode clé dans les réseaux neuronaux profonds, introduite par Sergey Ioffe et Christian Szegedy en 2015 (Ioffe & Szegedy, 2015). Son but principal est de standardiser et d'accélérer l'entraînement des réseaux de neurones en normalisant les activations intermédiaires. Cette normalisation est réalisée sur l'ensemble d'un lot (batch) d'activations. Mathématiquement, pour une couche de normalisation par lots appliquée à une activité x dans un lot donné, la transformation est définie comme suit (équation 2.4) :

$$\hat{x} = \frac{x - \mu}{\sqrt{\sigma^2 + \epsilon}} \quad 2.4$$

Ici, μ représente la moyenne du groupe, σ^2 désigne la variance de ce groupe, et ϵ est une petite constante ajoutée pour prévenir les divisions par zéro. La normalisation est suivie d'une mise à l'échelle et d'un décalage (scale and shift) pour obtenir la sortie finale :

$$y = \gamma \hat{x} + \beta \quad 2.5$$

Où γ et β sont des paramètres appris pendant l'entraînement.

La couche de normalisation par lots offre plusieurs avantages, tels que la réduction du problème du décalage covariant (covariate shift) et la stabilisation de l'entraînement, permettant ainsi des taux d'apprentissage plus élevés. Elle contribue également à atténuer les problèmes liés à l'initialisation des poids dans les réseaux profonds.

2.4.1.5 Couche de dropout

L'introduction d'un dropout dans la structure du réseau de neurones induit une régularisation qui contribue, en définitive, à l'amélioration des capacités de généralisation du modèle. Ce mécanisme repose sur l'exclusion aléatoire d'unités et de connexions selon une probabilité prédéfinie. Comme le soulignent Hinton et ses collaborateurs, la co-adaptation de multiples connexions apprenant une relation non linéaire peut mener à un sur-apprentissage (Hinton et al., 2012).

L'élimination aléatoire de certaines connexions et unités conduit à la création de diverses architectures de réseaux simplifiés. Un seul réseau représentatif est choisi en fonction des poids synaptiques faibles. Ce réseau est finalement considéré comme une approximation valable de l'ensemble des structures générées par le processus de dropout (Srivastava et al., 2014).

2.4.2 Réseau de neurones récurrent

Les réseaux de neurones récurrents (RNN) ont été introduits par Rumelhart et al. (Rumelhart, Hinton, et al., 1986) afin d'exploiter les corrélations temporelles présentes dans certaines données séquentielles, notamment pour des problèmes de prédiction. De par leur architecture récurrente, les RNN sont particulièrement adaptés au traitement de données temporelles telles que l'analyse de texte (Mikolov et al., 2010), la reconnaissance vocale (Graves et al., 2013) ou la prédiction de pathologies à partir de dossiers médicaux (Lipton et al., 2015).

Par définition, un RNN se caractérise par la présence d'au moins une boucle de rétroaction (Figure 2.8) qui lui confère une mémoire implicite des entrées passées. Cette mémoire interne est cruciale pour capturer les dépendances temporelles dans les données séquentielles. Concrètement, l'information des étapes précédentes est propagée dans la boucle récurrente puis combinée aux nouvelles entrées pour mettre à jour la représentation interne à chaque pas de temps. Grâce à ce mécanisme de partage des paramètres dans le temps, les RNN sont capables de gérer des séquences de différentes longueurs (Siegelmann & Sontag, 1992).

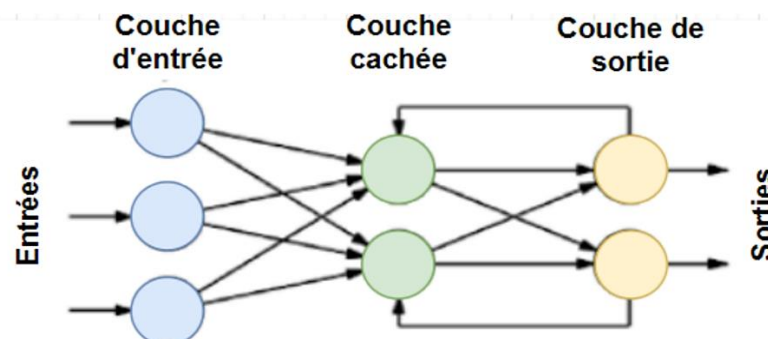


Figure 2.8. Architecture d'un réseau de neurones récurrent avec une boucle de rétroaction (John-Mathews et al., 2018).

Formellement, à chaque instant t , un RNN calcule l'état caché h_t en fonction de l'état précédent h_{t-1} et de l'entrée courante x_t :

$$h_t = f(h_{t-1}, x_t, \theta_t) \quad (2.6)$$

Puis la sortie y_t est calculée à partir de h_t :

$$y_t = g(h_t, \sigma_t) \quad (2.7)$$

Cependant, deux problèmes fondamentaux affectent les performances des RNN : difficultés à modéliser les dépendances à très long terme et instabilités dues aux explosions ou disparitions de gradients (Hochreiter et al., 2001).

Différentes architectures de RNN ont été développées pour répondre à ces limitations. Les réseaux les plus renommés incluent les réseaux à mémoire à court terme et à long terme (LSTM) (Hochreiter & Schmidhuber, 1997) ainsi que les réseaux à unités récurrentes avec portes (GRU)(Cho et al., 2014).

2.4.3 Autoencodeur

Les autoencodeurs sont des modèles de réseaux neuronaux conçus pour reconstruire leur signal d'entrée. Leur particularité réside dans leur capacité à apprendre des représentations significatives des données sans nécessiter d'étiquetage, les classant ainsi comme des modèles d'apprentissage non supervisés. Typiquement, un autoencodeur se compose de deux parties distinctes : l'encodeur et le décodeur (Piccialli et al., 2021).

L'encodeur, qui constitue la première partie de l'autoencodeur, est chargé d'extraire les caractéristiques principales des données d'entrée tout en diminuant leur dimension. Cette phase permet de transférer le signal d'entrée vers un espace latent où il est représenté de manière compréhensible.

En parallèle, le décodeur s'occupe de convertir le signal transformé à partir de l'espace latent vers l'espace d'origine, restaurant ainsi la représentation initiale. Ce processus implique l'utilisation de plusieurs couches intermédiaires, telles que la couche d'entrée, la couche cachée et la couche de sortie, avec un nombre variable de neurones dans chaque couche (voir Figure 2.9).

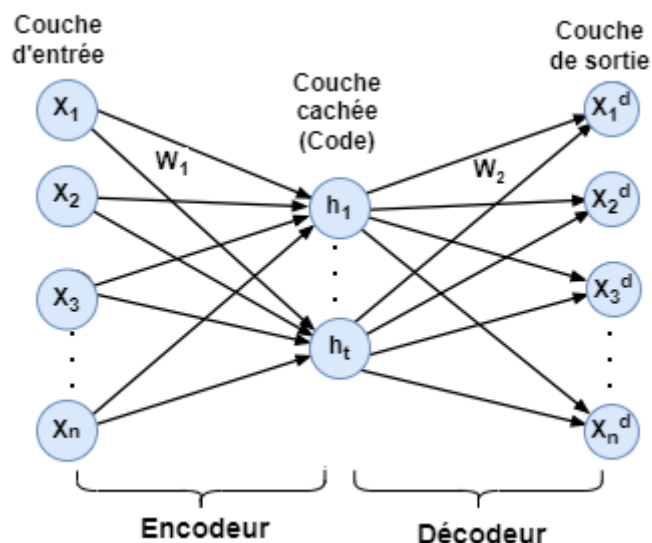


Figure 2.9. Architecture d'un autoencodeur (Ahmed et al., 2018) .

Pendant le processus d'encodage, les données originales X sont transformées en données converties h , utilisant la formule suivante :

$$h = f(W_1X + b_1) \quad (2.8)$$

Ici, W_1 désigne la matrice de poids reliant la couche d'entrée à la couche cachée, b_1 représente le vecteur de biais, et f représente la fonction d'activation non linéaire.

Ensuite, lors du processus de décodage, les données transformées h sont reconstruites en données originales X^d en utilisant la formule suivante :

$$X^d = g(W_2h + b_2) \quad (2.9)$$

Dans cette équation, W_2 désigne la matrice de poids reliant la couche cachée à la couche de sortie, b_2 correspond au vecteur de biais, et g représente une fonction de transformation non linéaire ou affine.

L'entraînement de l'autoencodeur consiste à optimiser les poids de l'encodeur et du décodeur pour minimiser la différence entre les données d'entrée X et leur reconstruction X^d . Il existe différentes variantes d'autoencodeurs : les autoencodeurs empilés (stacked autoencoders) (Vincent et al., 2010), les autoencodeurs de débruitage (denoising autoencoders) (Vincent et al., 2008), les autoencodeurs variationnels (variational autoencoders) (Kingma & Welling, 2013), etc. La sélection du type d'autoencodeur varie en fonction de l'application ciblée et des caractéristiques des données à analyser.

2.4.4 Réseau antagoniste génératif

Les réseaux génératifs adverses (Generative Adversarial Networks, ou GAN) sont des modèles génératifs qui peuvent créer de nouvelles données synthétiques convaincantes en reproduisant la distribution des données réelles (Goodfellow et al., 2020). Grâce à cette capacité de génération, les GAN sont de plus en plus utilisés en pré-entraînement dans divers domaines comme le traitement d'images ou le langage naturel. Le pré-entraînement à l'aide de données synthétiques générées par des GAN aide à régulariser l'apprentissage et à atténuer les risques de surapprentissage (overfitting).

L'architecture d'un GAN repose sur deux réseaux de neurones en compétition, entraînés simultanément : le générateur, qui produit des données synthétiques, et le discriminateur, qui évalue la véracité de ces données en les comparant à des données réelles (Figure 2.10). Le générateur s'efforce de créer des données

aussi réalistes que possible afin de duper le discriminateur, tandis que ce dernier s'adapte continuellement pour différencier au mieux les vraies des fausses données. Ils s'affrontent ainsi dans un jeu à somme nulle visant un équilibre où le discriminateur ne distingue plus le vrai du faux.

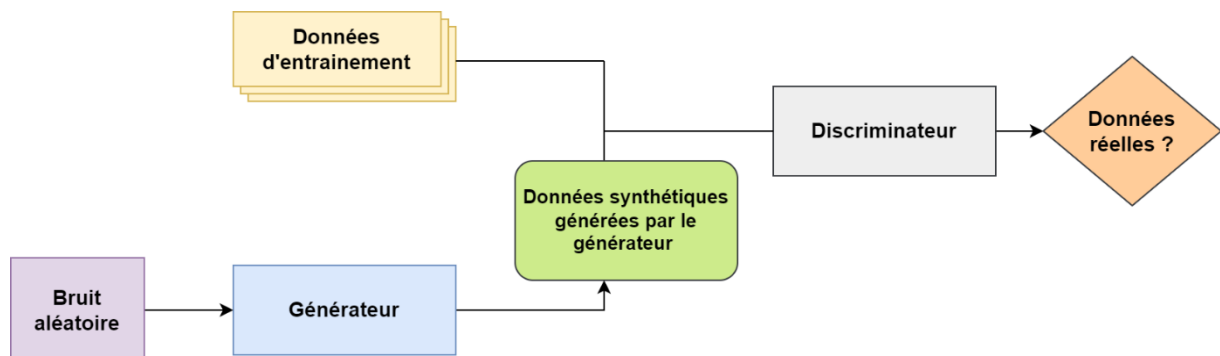


Figure 2.10. Représentation schématique du principe d'un réseau antagoniste génératif (Goodfellow et al., 2020).

Cependant, deux limitations majeures des GAN ont été soulevées. D'une part, la tendance à créer des données redondantes au bout de plusieurs itérations, connue comme l'effondrement de mode. D'autre part, une certaine instabilité due à l'absence de garantie d'optimum global pour la fonction objectif duale. Pour résoudre ces problèmes, des solutions ont été proposées telles que des techniques d'échantillonnage pondéré (Salimans et al., 2016) ou encore l'ajout de rotations aléatoires sur les données d'entrée (Suyama & Yokoyama, 2019). L'amélioration des GAN est ainsi un enjeu de recherche clé pour permettre leur déploiement dans des cas réels.

2.5 Classification des approches de l'apprentissage profond

Les méthodes d'apprentissage profond sont généralement catégorisées en trois grandes classes : supervisées, semi-supervisées (Ouali et al., 2020) et non supervisées (Valpola, 2015). Une autre catégorie importante est celle de l'apprentissage par renforcement profond (Li, 2017), également connu sous le nom d'apprentissage par renforcement, considéré principalement comme une forme d'apprentissage semi-supervisé, et parfois non supervisé.

- Le deep learning supervisé se base sur des données annotées comprenant des exemples d'entrées (x) et de sorties correspondantes (y). L'objectif est de modéliser la relation entre x et y en ajustant les paramètres d'un modèle, comme un réseau de neurones, afin de réduire progressivement l'erreur de prédiction sur ces exemples. Cela permet ensuite d'appliquer ce modèle à de nouvelles données. Les techniques couramment utilisées incluent les réseaux de neurones récurrents, convolutifs, entre autres. L'un des principaux avantages est l'exploitation de données préalablement annotées. Néanmoins, le modèle peut se retrouver surajusté si certains types d'exemples sont sous-représentés dans les données d'entraînement.

- En apprentissage profond semi-supervisé, le modèle utilise à la fois des données étiquetées et non étiquetées pour son entraînement. L'objectif est de diminuer la dépendance à une grande quantité de données annotées, ceux-ci étant souvent coûteux à obtenir. Cependant, la présence d'attributs non pertinents ou trompeurs dans les entrées non étiquetées peut mener à de mauvaises généralisations.
- L'apprentissage non supervisé profond n'utilise que des données brutes, sans aucune annotation. Le but est de découvrir automatiquement des motifs, clusters ou autres structures sous-jacentes aux données. Cela peut se faire via la réduction de dimensionalité non linéaire ou le partitionnement en groupes par similarité (clustering). Cependant, l'interprétabilité et l'utilité concrète des structures sous-jacentes identifiées restent limitées, en l'absence de données annotées.
- L'apprentissage par renforcement profond se distingue par son caractère interactif, où un agent perfectionne ses compétences par des itérations d'essais et d'erreurs au sein d'un environnement dynamique. L'objectif principal est d'optimiser une récompense cumulative sur le long terme. Contrairement à l'apprentissage supervisé, il ne repose pas sur des exemples d'entrées et de sorties, mais plutôt sur un signal de récompense sporadique, évaluant la qualité des actions entreprises. Le choix de cette méthode s'ajuste en fonction de la complexité inhérente au problème à résoudre.

2.6 Algorithmes d'optimisation pour les modèles de l'apprentissage profond

L'optimisation joue un rôle essentiel dans l'apprentissage profond. Elle vise à déterminer les valeurs idéales des vecteurs de poids du modèle, afin de résoudre de manière efficace une catégorie de problèmes spécifiques dans un domaine particulier (Hinton et al., 2006).

La Figure 2.11 montre quelques-uns des algorithmes d'optimisation fréquemment utilisés lors de l'entraînement des modèles par rétropropagation du gradient.

La rétropropagation du gradient, introduite par Rumelhart, Hinton et al. (Rumelhart, Hinton, et al., 1986) est largement adoptée pour entraîner des réseaux de neurones profonds, car elle permet de transmettre efficacement l'erreur des sorties vers les couches cachées. En combinaison avec des algorithmes d'optimisation comme la descente de gradient stochastique (SGD), le momentum ou Adam, cette méthode ajuste progressivement les poids synaptiques afin de réduire l'erreur.

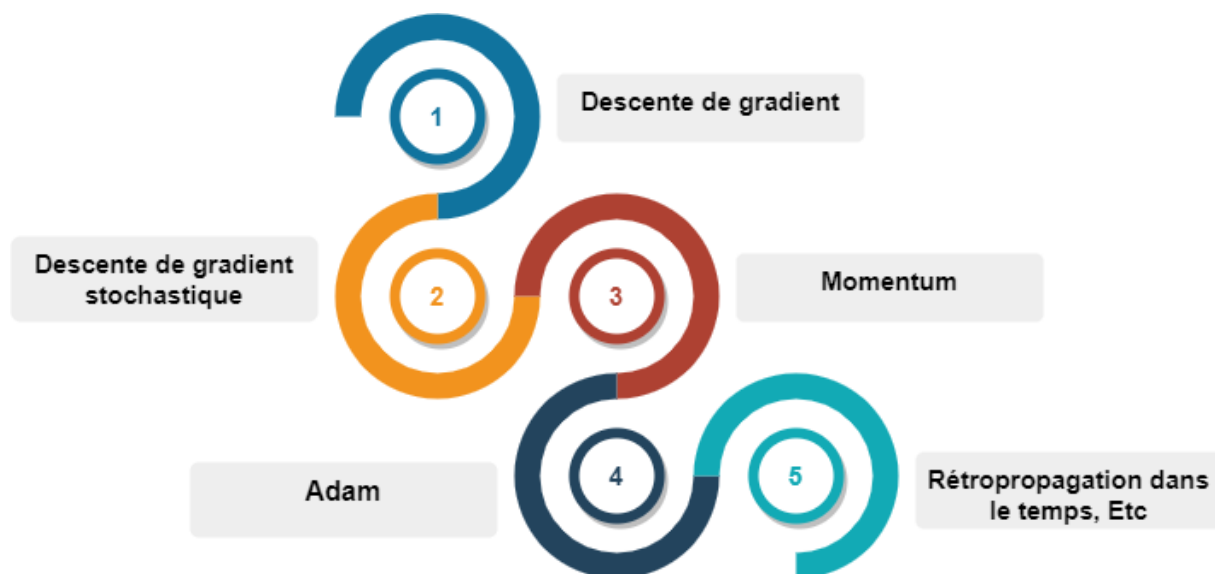


Figure 2.11. Algorithmes d'optimisation les plus largement utilisés par les modèles d'apprentissage profond.

L'algorithme de descente de gradient est une méthode traditionnelle qui ajuste les poids d'un modèle de manière itérative, en se basant sur le gradient de la fonction de coût par rapport à ces poids, lequel est déterminé par la rétropropagation. Toutefois, il peut s'avérer inefficace pour traiter des volumes importants de données. D'autre part, la descente de gradient stochastique (SGD) ajuste les poids en utilisant des mini-batches constitués d'échantillons aléatoires des données d'entraînement. Cette approche accélère significativement le processus d'apprentissage par rapport à la descente de gradient standard, en évitant plus facilement les minima locaux et en s'adaptant mieux à l'échelle sur de grands ensembles de données comparé à d'autres algorithmes (Robbins & Monro, 1951).

Par ailleurs, l'algorithme du momentum introduit une part de la mise à jour précédente des poids, ce qui favorise une convergence plus stable et aide à surmonter certains obstacles comme les minima locaux (Qian, 1999).

En ce qui concerne l'algorithme Adam (Kingma & Ba, 2014), Il associe la descente de gradient stochastique avec des estimations adaptatives des moyennes et des variances des gradients (premier et second moments), ce qui facilite une convergence rapide.

Par ailleurs, la rétropropagation temporelle est cruciale pour les réseaux de neurones récurrents (RNN), car elle propage l'erreur à travers les étapes temporelles. Son utilisation judicieuse est cruciale pour l'apprentissage des dépendances temporelles dans les données (Werbos, 1990).

Dans notre étude, nous optons pour l'utilisation de l'algorithme d'optimisation Adam pour ajuster les poids synaptiques durant l'entraînement du réseau de neurones profond. Adam intègre les bénéfices de la descente de gradient stochastique (SGD) tout en accélérant la convergence, en ajustant les taux d'apprentissage spécifiques à chaque paramètre selon les moments statistiques du gradient (Kingma & Ba, 2014).

De plus, des études empiriques montrent qu'Adam surpasse les techniques classiques de SGD et Momentum sur une large gamme de problèmes d'apprentissage profond (Wilson et al., 2017). Sa facilité d'implémentation ainsi que sa faible sensibilité à ses hyperparamètres en font une solution de choix pour de nombreuses applications en apprentissage profond (Ruder, 2016).

Ainsi, l'algorithme Adam apporte les bénéfices d'une bonne gestion de la vitesse et de la direction d'apprentissage pour chaque paramètre individuel.

2.7 Avantages et limites de l'apprentissage profond

L'adoption généralisée de l'apprentissage profond s'explique par ses avantages considérables, tels que l'acquisition automatisée de représentations complexes et ses performances de pointe dans divers domaines (LeCun et al., 2015). Cependant, cette approche n'est pas sans défis ; elle présente également certaines faiblesses qu'il convient de prendre en compte. Ces points forts et faiblesses mettent en évidence la nécessité d'évaluer soigneusement le contexte d'utilisation et les contraintes particulières lors de l'intégration de l'apprentissage profond dans des situations pratiques.

2.7.1 Avantages de l'apprentissage profond

L'intégration de l'apprentissage profond offre divers avantages substantiels, consolidant sa position en tant que méthode de prédilection dans de nombreux domaines :

- L'apprentissage profond repose en grande partie sur la capacité à extraire automatiquement des caractéristiques et des représentations complexes à partir de données non traitées (Goodfellow et al., 2016).
- L'apprentissage profond excelle dans le traitement de données massives et complexes, tels que des images, du langage naturel, etc., où l'ingénierie manuelle de caractéristiques est extrêmement laborieuse voire impraticable (Schmidhuber, 2015).
- Établissant continuellement de nouveaux sommets en termes de performances, l'apprentissage profond démontre son excellence dans une diversité de tâches (LeCun et al., 2010).

2.7.2 Limites de l'apprentissage profond

Malgré ses succès, l'apprentissage profond présente des défis inhérents qui nécessitent une attention particulière :

- L'entraînement de modèles d'apprentissage profond à grande échelle exige des ressources matérielles considérables et des temps de calcul prolongés (Canziani et al., 2016).

- L'apprentissage supervisé des réseaux neuronaux profonds nécessite une quantité substantielle de données labellisées, représentant une barrière potentielle pour des domaines où de telles données sont difficiles à obtenir (Marcus, 2018).
- La complexité intrinsèque des réseaux neuronaux profonds peut conduire à un manque d'explicabilité des prédictions, les transformant en des "boîtes noires" difficiles à comprendre (Lipton, 2018).

2.8 Domaine d'application de l'apprentissage profond

L'apprentissage profond, avec son potentiel remarquable, s'étend à divers domaines, se distinguant particulièrement là où les données sont complexes et abondantes.

En vision par ordinateur, les réseaux de neurones convolutionnels établissent des records en classification et segmentation d'images (Krizhevsky et al., 2012), tandis que dans le traitement du langage naturel, les plongements lexicaux et les transformeurs (transformers en anglais) révolutionnent la traduction automatique et la compréhension du langage (Mikolov et al., 2013). Cette influence englobe également la reconnaissance vocale et la synthèse de la parole, contribuant à l'amélioration des interfaces vocales et des systèmes d'assistance (Arik et al., 2017).

Dans le domaine médical, l'apprentissage profond ouvre des perspectives prometteuses pour l'analyse d'images médicales à des fins de diagnostic (Liu et al., 2019), l'identification de nouveaux indicateurs biologiques prédictifs de certaines pathologies (Ching et al., 2018) ainsi que pour la recommandation personnalisée de plans de traitement optimaux pour chaque patient (Choi et al., 2017).

La finance bénéficie de modèles prédictifs performants de l'apprentissage profond pour détecter la fraude (Fiore et al., 2019) et anticiper les fluctuations boursières (Fischer & Krauss, 2018). L'industrie profite de l'automatisation basée sur l'apprentissage profond pour accroître l'efficacité dans la production (Lee et al., 2018), la maintenance prédictive (Jia et al., 2016), etc.

Dans le domaine du marketing et de la publicité, l'utilisation de l'apprentissage profond pour l'analyse des données permet de concevoir des campagnes plus précises et adaptées aux besoins individuels (Juan et al., 2017).

L'apprentissage profond s'insère avec succès dans des secteurs variés, propulsant une révolution numérique soutenue par des gains tangibles en productivité et efficacité.

2.9 Conclusion

L'apprentissage profond est désormais un pilier essentiel de l'intelligence artificielle. Grâce à ses techniques utilisant des réseaux de neurones multicouches, il a permis de réaliser des progrès impressionnants dans la modélisation de données complexes, permettant ainsi de résoudre une variété de problèmes.

Ce chapitre avait pour objectif de fournir un état de l'art complet sur l'apprentissage profond, en passant en revue son histoire, ses fondements théoriques au travers des réseaux de neurones artificiels, ses principales architectures telles que les CNN, RNN, etc., ainsi que ses algorithmes d'optimisation.

Les performances spectaculaires démontrées par les techniques d'apprentissage profond constituent une avancée majeure vers la résolution de tâches complexes en en divers domaines. Néanmoins, derrière ces progrès indéniables subsistent encore plusieurs défis fondamentaux.

Notamment, la compréhension fine des mécanismes internes conduisant aux décisions de ces modèles demeure limitée, nuisant à leur transparence. De plus, leur grande dépendance aux données massives pose des problèmes de généralisation. Enfin, les ressources de calcul intensif requises pour leur entraînement freinent leur adoption à grande échelle.

Ces limitations motivent des travaux approfondis pour les pallier par le développement de nouveaux cadres théoriques et techniques améliorant la fiabilité et l'interprétabilité des modèles d'apprentissage profond, tout en conservant leurs forces.

Chapitre Trois :

État de l'art sur l'hybridation entre le raisonnement à partir de cas et l'apprentissage profond dans le domaine médical

Chapitre Trois :

État de l'art sur l'hybridation entre le raisonnement à partir de cas et l'apprentissage profond dans le domaine médical

3.1 Introduction

Les méthodes de raisonnement à partir de cas (RàPC) et l'apprentissage profond ont été largement utilisées dans le secteur médical ces dernières années.

Le RàPC utilise des cas médicaux archivés dans sa base de cas pour suggérer des diagnostics ou des traitements analogues pour des patients récents. Ses avantages résident dans l'interprétabilité et l'adaptabilité de ses résultats. Cependant, cette approche peut être limitée par le nombre de cas disponibles et leur représentativité.

En outre, les modèles d'apprentissage profond ont la capacité de repérer de manière automatique des motifs complexes au sein de vastes ensembles de données médicales (contenant par exemple des images, signaux, données textuelles, etc.), ouvrant ainsi la voie à des systèmes d'aide à la décision particulièrement performants. Néanmoins, ces modèles sont souvent perçus comme des boîtes noires, souffrant d'un déficit d'interprétabilité.

Face aux forces et faiblesses complémentaires de ces deux paradigmes, leur hybridation suscite un intérêt croissant au sein de la communauté scientifique du domaine médical. Quelques applications concrètes combinant le RàPC et l'apprentissage profond ont déjà émergé dans le secteur médical ainsi que dans d'autres domaines. Une telle hybridation pourrait permettre de concilier l'interprétabilité et l'explicabilité des résultats apportés par le RàPC, avec la puissance prédictive des modèles d'apprentissage profond.

Ce chapitre vise à établir un état de l'art exhaustif des contributions scientifiques exploitant l'hybridation entre le raisonnement à partir de cas (RàPC) et l'apprentissage profond dans le contexte médical. Nous débutons par une analyse approfondie des travaux de la littérature ayant mis en œuvre le RàPC pour résoudre des problématiques médicales, mettant en exergue les avantages et les limites de cette méthode dans ce domaine. Ensuite, nous analysons en détail les contributions appliquant les modèles d'apprentissage profond à des enjeux médicaux, soulignant les forces mais aussi les lacunes de ces méthodes dans ce domaine. L'intérêt d'hybrider ces deux approches complémentaires est alors mis en évidence, avant d'explorer les différentes stratégies permettant d'hybrider le RàPC et

l'apprentissage profond. Enfin, nous concluons par une synthèse intégrative des principales conclusions tirées de cette analyse.

3.2 Raisonnement à partir de cas dans le secteur médical

Le raisonnement à partir de cas (RàPC) est de plus en plus appréciée dans le domaine médical pour la résolution de problèmes et le soutien à la prise de décision en intelligence artificielle (Leake et al., 1997). Grâce à sa capacité d'apprentissage automatique à partir d'exemples, le RàPC peut traiter efficacement les cas où certaines données sont manquantes. Il peut ainsi aider les professionnels de santé dans des processus complexes tels que le diagnostic, la classification ou la planification des traitements pour des pathologies ambiguës ou mal définies (Holt et al., 2005).

Plusieurs raisons expliquent la pertinence du RàPC en médecine. D'un côté, les médecins s'appuient sur leurs expériences antérieures ainsi que sur des études de cas publiées pour développer leur raisonnement (Patel et al., 1999b).

En outre, un grand nombre de maladies proviennent de l'interaction complexe entre divers facteurs de risque, qu'ils soient génétiques, environnementaux ou comportementaux. Il est alors difficile d'établir des modèles médicaux universels permettant de poser un diagnostic ou de choisir un traitement optimal dans tous les cas, pour toutes les combinaisons de facteurs possibles. Même lorsque des lignes directrices basées sur des données probantes existent, elles doivent être adaptées à chaque patient.

Le raisonnement à partir de cas vient alors compléter ces directives générales en exploitant les informations détaillées de cas de patients passés similaires au cas examiné. Les données contextuelles tirées de la pratique clinique concrète permettent d'opérationnaliser et d'affiner l'application des modèles et des lignes directrices pour un patient ciblé (Begum et al., 2009).

Cette approche basée sur des exemples spécifiques de patients permet donc de prendre en compte la complexité multifactorielle des pathologies et d'orienter au mieux la décision médicale.

En outre, l'abondance des données médicales disponibles crée une opportunité idéale pour concevoir des systèmes d'aide à la décision fondés sur des cas précédents, ce qui permettrait d'améliorer la qualité des soins (Huang et al., 2007).

3.2.1 Applications du RàPC en médecine

De nombreux travaux ont exploré l'application du raisonnement à partir de cas (RàPC) dans le domaine médical, comme résumé dans le Tableau 3.1. Ces études couvrent divers objectifs cliniques importants.

Plusieurs systèmes RàPC ont été développés pour assister le diagnostic de maladies. L'auteur Koton (Koton, 1989) a développé le système CASEY, qui a montré une performance supérieure à celle des

systèmes experts traditionnels pour le diagnostic des maladies cardiaques en s'appuyant sur l'analyse de cas préalablement résolus. Dans une veine similaire, Kouser et al. (Kouser et al., 2018) ont suggéré une méthode hybride intégrant les réseaux de neurones artificiels (ANN) et les fonctions de base radiale (RBF) associées au RàPC pour le diagnostic des maladies cardiaques, atteignant un accuracy initial de 89-90% amélioré à 97% grâce à l'intégration des données historiques. Leur méthode a également permis de faciliter la prescription médicamenteuse avec une précision de 98%. Faizal et Hamdani (Faizal & Hamdani, 2018) ont quant à eux exploité le RàPC doté d'une mesure de similarité Minkowski pondérée. Leur système visait le diagnostic précoce des maladies cardiovasculaires et a démontré, sur des données réelles issues de l'Hôpital Public Dr. Sardjito à Yogyakarta, une sensibilité de 100%, une spécificité de 83.33% et un accuracy de 95.83%. Le système CEDS, développé par Chakraborty et al. (Chakraborty et al., 2015), repose sur une représentation ontologique pour la détection du choléra et a été validé sur des données réelles.

De plus, Ahmend et al. (Ahmend et al., 2008) ont étudié des méthodes de mesure de similarité avancées afin d'améliorer la recherche de cas comparables dans le diagnostic du stress. Une métrique de distance hétérogène pondérée, optimisée par un algorithme génétique, a été proposée par Gu et al. (Gu et al., 2017) pour améliorer le diagnostic du cancer du sein.

Dans le cadre du diagnostic des tumeurs cutanées, Majeed et al. (Majeed et al., 2020) ont mis au point un système qui intègre le raisonnement à partir de cas (RàPC) avec un système expert. Ce système repose sur une base de données de cas qui rassemble des descriptions de patients atteints de divers types de tumeurs cutanées. Pour un nouveau patient, le système récupère les cas similaires en calculant une distance euclidienne entre vecteurs d'attributs. Il suggère ensuite un diagnostic en réutilisant les solutions des cas retrouvés. Un ensemble de règles expertes est également appliqué pour affiner le diagnostic proposé. Jiji et al. (Jiji et al., 2020) ont, quant à eux, extrait des caractéristiques visuelles à partir d'images dermatologiques afin de suggérer des diagnostics pour les lésions cutanées.

Les chercheurs Oyelade et Ezugwu (Oyelade & Ezugwu, 2020) ont développé un système de raisonnement à partir de cas (RàPC) pour la détection et le diagnostic du COVID-19. Leur approche s'appuie sur une base de données contenant des cas de patients atteints de COVID-19. Ils ont incorporé une méthode novatrice de sélection de caractéristiques et utilisé un modèle mathématique fondé sur la sémantique pour analyser la similarité entre les cas. Leur approche propose un diagnostic de COVID-19, affirmatif ou négatif, accompagné d'un niveau de confiance, en réutilisant les solutions des cas antérieurs les plus similaires.

En outre, Rawat et al. (Rawat et al., 2023) ont exploré les utilisations spécifiques de l'IA pour le traitement du langage naturel dans le diagnostic du cancer du poumon. Leur étude aborde l'analyse des

symptômes et des images médicales, l'aide à la prise de décision médicale, ainsi que l'application de la médecine personnalisée.

En imagerie médicale, Macura et Macura (Macura & Macura, 1995) ont développé le système MacRad, qui a réussi à obtenir de bons résultats dans la recherche de radiographies similaires en calculant des invariants de moments statistiques. Parallèlement, LeBozec et al. (LeBozec et al., 1998) ont proposé une approche basée sur UML pour le développement de systèmes dédiés aux images médicales. De plus, Golobardes et al. (Golobardes et al., 2002) ont combiné le RàPC avec des algorithmes génétiques dans le but d'optimiser la classification des mammographies.

La prédiction a également été explorée à travers diverses applications. Par exemple, l'approche de Perez et al. (Perez et al., 2021) a combiné le RàPC avec la modélisation multi-agents pour évaluer les risques chirurgicaux. De même, Duan et al. (Duan et al., 2022) ont proposé un système RàPC avec un modèle Markovien pour modéliser l'évolution d'épidémies. De plus, Nenova et Shang (Nenova & Shang, 2022) ont fusionné le RàPC avec l'analytique de mégadonnées pour prédire la progression de maladies chroniques rénales.

De plus, le RàPC s'est avéré d'une grande utilité dans la génération de plans de traitement en radiothérapie, comme en témoigne l'approche hybride RàPC-optimisation par colonie d'abeilles qui a été développée par Teodorović et al. (Teodorović et al., 2013) pour le traitement du cancer de la thyroïde. D'Aquin et al. (d'Aquin et al., 2006) ont également automatisé l'acquisition de connaissances d'adaptation en se basant sur les cas archivés dans le système KASIMIR dédié au cancer du sein.

Tableau 3.1 : Quelques systèmes RàPC réalisés au fil des ans en médecine.

Référence	Système	Objectif	Domaine d'application
(Koton, 1989)	CASEY	Diagnostic	Maladie coronarienne
(Macura & Macura, 1995)	MacRad	Classification	Images radiologiques
(LeBozec et al., 1998)	IDEM	Classification	Images radiologiques
(Golobardes et al., 2002)	CaB-CS	Diagnostic	Cancer du sein
(d'Aquin et al., 2006)	KASIMIR	Diagnostic, Classification	Cancer du sein
(Ahmend et al., 2008)	–	Diagnostic	Stress
(Teodorović et al., 2013)	–	Planification	Cancer de la thyroïde
(Chakraborty et al., 2015)	CEDS	Diagnostic	Choléra
(Gu et al., 2017)	BTCBRsys	Diagnostic	Cancer du sein
(Kouser et al., 2018)	–	Diagnostic	Maladies cardiovasculaires
(Faizal & Hamdani, 2018)	–	Diagnostic	Maladies cardiovasculaires
(Majeed et al., 2020)	–	Diagnostic, Classification	Tumeurs de la peau
(Oyelade & Ezugwu, 2020)	–	Diagnostic	Coronavirus
(Jiji et al., 2020)	–	Classification	Dermatologie
(Perez et al., 2021)	–	Prédiction	Risque chirurgical
(Duan et al., 2022)	–	Planification, Classification	Maladie infectieuse
(Nenova & Shang, 2022)	iCBR	Prédiction	Maladies rénales chroniques
(Rawat et al., 2023)	–	Diagnostic	Cancer du poumon

3.2.2 Bénéfices et contraintes de l'utilisation du RàPC en médecine

Le raisonnement à partir de cas offre certains avantages par rapport aux systèmes fondés sur des règles pour reproduire le raisonnement empirique des médecins. Néanmoins, l'application du RàPC au domaine médical soulève également des défis qu'il convient de prendre en considération.

L'application du Raisonnement à Partir de Cas (RàPC) en médecine confère plusieurs avantages significatifs, notamment :

- La capacité à exploiter les cas cliniques antérieurs pour guider la prise de décisions dans le cadre de pathologies rares ou complexes, même en l'absence de connaissances théoriques approfondies (Lamy et al., 2019).
- Des options de traitement individualisées sont suggérées en fonction des caractéristiques de patients ayant des profils comparables (Jurisica et al., 1998).
- L'élaboration de raisonnements et d'expériences à partir de cas concrets partagés par des médecins expérimentés, permettant de rendre ces connaissances précieuses accessibles pour l'enseignement et la pratique clinique (Leake, 1996a).
- La combinaison de différentes sources de données, incluant les symptômes, les images médicales et les notes cliniques, permet de soutenir efficacement le diagnostic et le traitement des patients (Begum et al., 2010), etc.

Toutefois, l'application du raisonnement à partir de cas (RàPC) en médecine est soumise à certaines contraintes qu'il convient de prendre en considération :

- L'efficacité du RàPC dépend de l'accès à une base de données exhaustive et de haute qualité concernant les cas cliniques, ce qui s'avère souvent difficile à réaliser (Huang et al., 2007).
- Le RàPC peine à encapsuler la totalité des aspects complexes du raisonnement médical, qui requiert l'intégration de multiples expertises (Patel et al., 1999a).
- Établir des critères de similarité appropriés entre les cas pose des défis considérables et peut parfois aboutir à des recommandations inadéquates (Begum et al., 2009).
- En général, le RàPC est capable de soutenir le processus de raisonnement médical mais ne peut se substituer au raisonnement approfondi nécessaire à l'établissement d'un diagnostic fiable et précis (Holt et al., 2005).

3.3 Apprentissage profond dans le secteur médical

L'utilisation de l'apprentissage profond dans le secteur médical a conduit à des progrès notables au cours des dernières années.

Les systèmes d'apprentissage profond, tels que les réseaux de neurones convolutifs (CNN) et récurrents (RNN), augmentent significativement l'efficacité des outils et des systèmes médicaux en raison de leur aptitude à analyser d'énormes volumes de données médicales (Topol, 2019). L'utilisation de données diversifiées, telles que des images médicales ou des dossiers patients, pour entraîner ces modèles ouvre de nouvelles opportunités pour des applications telles que la détection précoce et le diagnostic des pathologies (Esteva et al., 2017), la segmentation précise d'images et d'organes (Litjens

et al., 2017), l'aide à la décision thérapeutique, ou encore la chirurgie assistée par ordinateur (Jalali et al., 2020).

Des techniques avancées comme l'apprentissage par transfert et l'apprentissage semi-supervisé permettent même de compenser le manque de données annotées dans certains contextes médicaux spécifiques (Cheplygina et al., 2019).

3.3.1 Applications d'apprentissage profond en médecine

Cette partie expose plusieurs études récentes (voir Tableau 3.2) qui démontrent la variété des utilisations de l'apprentissage profond dans le domaine médical.

Dans le secteur de l'imagerie médicale, Prasoon et al. (Prasoon et al., 2013) ont conçu un réseau de neurones convolutif pour segmenter automatiquement le cartilage du genou à partir d'images IRM, dépassant ainsi les méthodes conventionnelles d'apprentissage machine. Wang et al. (Wang et al., 2016) ont exploité un auto-encodeur convolutif pour classifier les régions mammographiques en normal ou bien anormal, avec l'objectif de détecter les microcalcifications associées au cancer du sein. Lévy et Jain (Lévy & Jain, 2016) ont entraîné des CNN telles que GoogLeNet et AlexNet sur des ensembles de données de mammographies annotées pour automatiser la classification des masses mammaires, obtenant des performances supérieures à d'autres classifieurs. Pour la détection assistée de lésions mammaires, Kooi et al. (Kooi et al., 2017) ont développé un CNN entraîné sur plus de 45,000 mammographies. Dans le domaine de la détection précoce du mélanome, Gulati et Bhogal (Gulati & Bhogal, 2019) ont appliqué des réseaux de neurones convolutifs pré-entraînés tels que AlexNet et VGG16. Pour la même tâche, Sharma et al. (Sharma et al., 2022) ont introduit un entraînement antagoniste sur plusieurs architectures CNN telles que VGG16, VGG19, Densenet121 et Resnet101 pour pallier le manque d'images annotées de mélanome.

De récentes contributions ont porté sur l'utilisation des réseaux de neurones profonds (DNN) pour le diagnostic automatisé des maladies cardiaques. Tomov et Tomov (Tomov & Tomov, 2018) ont proposé l'architecture HEARO-5, un DNN à 5 couches entraîné sur l'ensemble de données Cleveland, obtenant une précision de 99 % et un coefficient de corrélation de Matthews de 0,98, dépassant ainsi les performances précédentes. Miao et Miao (Miao & Miao, 2018) ont quant à eux développé un modèle DNN pour le diagnostic de cette maladie à partir de ce même ensemble de données, obtenant 83.67% d'accuracy, 93.51% de sensibilité et 72.86% de spécificité. Dans la même optique, Sharma et Parmar (Sharma & Parmar, 2020) ont optimisé un DNN par l'outil Talos sur ces données, atteignant 90.78% d'accuracy et se révélant supérieur aux approches classiques. Par ailleurs, Mehmood et al. (Mehmood et al., 2021) ont proposé "CardioHelp", une méthode exploitant les réseaux neuronaux convolutionnels avec la méthode de régularisation lasso pour prédire les pathologies cardiovasculaires avec un remarquable

accuracy de 97%. Modak et leurs collègues (Modak et al., 2022) ont présenté une version améliorée de la méthode de Sélection Infinie de Caractéristiques (InfFS) spécifiquement conçue pour le diagnostic cardiaque. Appliquée à l'ensemble de données CHSLB, leur approche novatrice combinant DNN et validation croisée a atteint un accuracy de 87.70%. D'autres études ont porté sur l'évaluation comparative de techniques d'apprentissage automatique et profond. Reddy et al. (Reddy et al., 2022) ont confronté la régression logistique (LR), Naive Bayes (NB), les forêts aléatoires (RF) et les perceptrons multicouches (MLP) sur l'ensemble de données cardiovasculaires de Kaggle, ces derniers obtenant 73.78% d'accuracy. De manière similaire, Alfaïdi et al. (Alfaïdi et al., 2022) ont appliqué un test du Chi-carré sur ce même ensemble de données Kaggle avant d'entraîner divers modèles tels que MLP, LR, SVM, RF, K-plus proches voisins (KNN), NB et arbres de décision (DT). Les MLP ont obtenu les meilleures performances avec 87.23% d'accuracy.

D'autres recherches ont exploré les modèles de l'apprentissage profond dans divers domaines médicaux. Par exemple, Zhang et al. (Zhang et al., 2019) ont abordé la classification multi-classes d'images médicales en utilisant plusieurs architectures de CNN telles que ResNet, DenseNet, SE-ResNet et SE-DenseNet. Xu et al. (Xu et al., 2019) ont proposé une approche pour prédire la réponse aux traitements du cancer du poumon en impliquant des CNN et des RNN. Oh et al. (Oh et al., 2020) ont diagnostiqué la maladie de Parkinson à partir de signaux EEG en appliquant des CNN. D'autre part, Lilhore et al. (Lilhore et al., 2023) ont prédit la maladie de Parkinson à partir de signaux vocaux en utilisant un modèle hybride CNN-LSTM.

Dans le domaine de la dermatologie, Reddy (Reddy, 2018) ainsi que Mehra et al. (Mehra et al., 2021) ont mis en œuvre le modèle ResNet-50 pour classer en 7 catégories les images dermoscopiques de l'ensemble de données HAM10000. Pratiwi et al. (Pratiwi et al., 2019) ont obtenu de bonnes performances avec VGG-19 pour distinguer les naevus bénins des mélanomes. Rodrigues et al. (Rodrigues et al., 2020) ont utilisé le transfert d'apprentissage (transfer learning) sur des CNN pré-entraînés pour classer les lésions cutanées. Chaturvedi et al. (Chaturvedi, Gupta, et al., 2020) ont appliqué MobileNet sur un ensemble de données HAM10000 équilibré par l'augmentation de données.

Une autre recherche menée par Alam et ses collègues (Alam et al., 2022) a introduit une méthode reposant sur l'apprentissage profond, en intégrant des techniques d'augmentation de données pour équilibrer les ensembles d'images de cancer de la peau. Ils ont employé AlexNet, InceptionV3 et RegNetY-320, ce dernier surpassant les autres sur les ensembles de données déséquilibrés/équilibrés. Bozkurt et al. (Bozkurt, 2023) ont également proposé une approche combinant l'augmentation de données et l'apprentissage profond avec Inception-Resnet-v2 sur l'ensemble de données HAM10000. Leurs résultats ont démontré que leur approche combinant ces techniques améliore significativement les

performances. Zhang et al. (Zhang et al., 2024) ont proposé une méthode d'aide au diagnostic exploitant un modèle GRU pour la détection précoce du cancer de la peau à partir d'images.

En imagerie scanner, Takeuchi et al. (Takeuchi et al., 2021) ont développé un système de diagnostic du cancer de l'œsophage basé sur VGG16. De même, l'étude menée par Wu et al. (Wu et al., 2024) a mis en œuvre un modèle d'apprentissage profond ResoLSTM-Depth pour distinguer les stades T1-T2 des stades T3-T4 du carcinome épidermoïde de l'œsophage (ESCC).

D'autres recherches ont aussi examiné des aspects particuliers, tels que l'identification des tumeurs cérébrales sur des IRM grâce à des réseaux de neurones convolutifs 2D (Saeedi et al., 2023), ainsi que la classification des tumeurs du sein en utilisant des architectures d'apprentissage profond telles que VGG et ResNet (Jafarzadeh Ghouschi et al., 2023).

Tableau 3.2 : Quelques travaux de la littérature utilisant l'apprentissage profond en médecine.

Référence	Objectif	Modèle d'apprentissage profond utilisé	Domaine d'application
(Prasoon et al., 2013)	Segmentation	CNN	Maladie d'arthrose
(Wang et al., 2016)	Classification	Autoencoder	Cancer du sein
(Lévy & Jain, 2016)	Classification	GoogLeNet, AlexNet	Cancer du sein
(Kooi et al., 2017)	Détection	CNN	Lésion mammographique
(Reddy, 2018)	Classification	ResNet50	Cancer de la peau
(Tomov & Tomov, 2018)	Diagnostic	DNN	Maladie cardiaque
(Miao & Miao, 2018)	Diagnostic	DNN	Maladie cardiaque
(Zhang et al., 2019)	Classification	ResNet, DenseNet, SE-ResNet et SE-DenseNet	Images médicales
(Gulati & Bhogal, 2019)	Détection	AlexNet, VGG16	Cancer de la peau
(Xu et al., 2019)	Prédiction	CNN et RNN	Cancer du poumon
(Pratiwi et al., 2019)	Classification	VGG-19	Cancer de la peau
(Oh et al., 2020)	Diagnostic	CNN, RNN, LSTM	Maladie de Parkinson
(Chaturvedi, Gupta, et al., 2020)	Classification	MobileNet	Cancer de la peau
(Sharma & Parmar, 2020)	Prédiction	DNN	Maladie cardiaque
(Rodrigues et al., 2020)	Classification	Transfer learning avec VGG, Inception, ResNet, Inception-ResNet, Xception, MobileNet, DenseNet, NASNet pré-entraînés sur ImageNet	Lésions cutanées
(Mehmood et al., 2021)	Prédiction	CNN	Maladie cardiaque
(Takeuchi et al., 2021)	Classification	VGG16	Cancer de l'œsophage
(Mehra et al., 2021)	Classification	ResNet50	Cancer de la peau
(Modak et al., 2022)	Prédiction	DNN	Maladie cardiaque
(Sharma et al., 2022)	Classification	VGG16, VGG19, Densenet121, Resnet101	Cancer de la peau
(Alfaidi et al., 2022)	Diagnostic	MLP	Maladie cardiaque
(Alam et al., 2022)	Classification	AlexNet, InceptionV3, RegNetY-320	Lésions cutanées
(Reddy et al., 2022)	Prédiction	MLP	Maladie cardiaque

(Jafarzadeh Ghouschi et al., 2023)	Classification	VGG, ResNet	Cancer du sein
(Saeedi et al., 2023)	Détection	CNN, Autoencoder	Oncologie cérébrale
(Bozkurt, 2023)	Classification	Inception-Resnet-v2	Cancer de la peau
(Lilhore et al., 2023)	Prédiction	CNN, LSTM	Maladie de Parkinson
(Zhang et al., 2024)	Détection	GRU	Cancer de la peau
(Wu et al., 2024)	Classification	ResNet-18, LSTM	Cancer de l'œsophage

3.3.2 Bénéfices et restrictions de l'utilisation de l'apprentissage profond en médecine

L'adoption de l'apprentissage profond dans le secteur médical offre des bénéfices significatifs, tout en comportant des restrictions qu'il est important d'analyser avec soin.

Parmi les atouts majeurs, les modèles d'apprentissage profond démontrent une capacité remarquable à traiter de larges volumes de données médicales hétérogènes. Leurs architectures multicouches permettent d'extraire des caractéristiques complexes à partir de différentes modalités d'imagerie, améliorant significativement les performances du diagnostic assisté par ordinateur (Shen et al., 2017). De plus, l'automatisation de tâches chronophages par ces réseaux de neurones profonds libère du temps aux professionnels de santé pour se concentrer sur d'autres aspects essentiels des soins aux patients.

Cependant, l'implémentation clinique est également confrontée à des limites notables. D'une part, l'opacité et le manque d'interprétabilité des modèles profonds soulèvent des défis quant à la confiance et l'acceptabilité de ces systèmes par les praticiens (Castelvecchi, 2016). D'autre part, la présence de biais dans les données d'entraînement peut impacter les prédictions, d'où l'importance cruciale de disposer de données de qualité et représentatives pour l'apprentissage (Gianfrancesco et al., 2018).

3.3 Intérêt d'hybrider le raisonnement à partir de cas avec des approches d'intelligence artificielle

L'hybridation du Raisonnement à Base de Cas (RàPC) avec d'autres approches d'Intelligence Artificielle (IA) représente une stratégie puissante pour relever les défis complexes rencontrés dans divers domaines d'application (Prentzas & Hatzilygeroudis, 2009) (Medsker, 2012). Cette section présente les principaux avantages de cette approche hybride.

- **Complémentarité des approches** : L'hybridation du RàPC avec d'autres méthodes d'IA permet de combiner les avantages respectifs de chaque approche. À titre d'exemple, le RàPC se distingue par sa capacité à résoudre des problèmes en s'appuyant sur des analogies avec des situations précédentes, tandis que d'autres approches d'IA peuvent être efficaces pour traiter des données non structurées ou pour d'autres tâches spécifiques. En combinant ces deux approches,

il est possible d'exploiter la capacité du RàPC à tirer parti de l'expérience passée tout en bénéficiant des forces d'autres méthodes d'IA afin d'augmenter l'exactitude et la capacité de généralisation du système.

- **Amélioration des performances** : L'hybridation du RàPC avec d'autres approches d'IA peut également conduire à des performances améliorées par rapport aux systèmes utilisant une seule méthode. En combinant diverses approches comme l'apprentissage symbolique, les algorithmes génétiques et les méthodes probabilistes, on peut développer des systèmes plus solides et adaptatifs, capables de s'ajuster à différentes situations et types de données.
- **Flexibilité et adaptabilité** : En combinant le RàPC avec d'autres approches d'IA, il est également possible d'accroître la flexibilité et l'adaptabilité des systèmes résultants. Par exemple, en utilisant des algorithmes d'apprentissage automatique pour mettre à jour dynamiquement la base de cas du RàPC en fonction de nouvelles données, il est possible de garantir que le système reste pertinent et performant dans des environnements changeants et évolutifs.
- **Exploration de nouvelles possibilités** : L'hybridation du RàPC avec d'autres méthodes d'IA ouvre la voie à l'exploration de nouvelles possibilités et à l'innovation dans le domaine de l'IA. En combinant des approches traditionnelles avec des techniques émergentes telles que l'apprentissage profond ou l'apprentissage par renforcement, il est possible de créer des systèmes IA encore plus avancés et sophistiqués, capables de relever des défis jusqu'alors inaccessibles.

3.5 Vers une hybridation entre le RàPC et l'apprentissage profond

Le raisonnement à partir de cas (RàPC) et l'apprentissage profond sont deux approches qui ont montré leurs limites respectives, notamment dans le domaine médical (Gasmi et al., 2022). Récemment, une solution a été proposée pour surmonter leurs limites en hybridant le RàPC et l'apprentissage profond. Cette hybridation cherche à utiliser les techniques de l'apprentissage profond pour optimiser les performances du raisonnement par cas, tout en intégrant ce dernier pour améliorer la précision des modèles d'apprentissage profond (Keane et al., 2021). L'objectif est d'obtenir de meilleures performances qu'aucune de ces méthodes ne peut atteindre individuellement.

Plusieurs travaux de la littérature ont utilisé différentes façons d'hybrider entre ces deux méthode-s, et les plus exploitées sont l'hybridation séquentielle et l'hybridation par inclusion.

Dans l'hybridation séquentielle, le raisonnement à partir de cas et l'apprentissage profond sont appliqués successivement sur un même problème (López-Sánchez et al., 2017) (Nasiri et al., 2018) . Par exemple, un réseau de neurones profonds peut être employé pour extraire des caractéristiques avancées

à partir des données, lesquelles sont ensuite transmises à un RàPC afin de retrouver des cas similaires au cas cible et de suggérer une solution.

L'hybridation par inclusion cherche à combiner de manière étroite les mécanismes de deux approches, notamment le raisonnement à partir de cas (RàPC) et l'apprentissage profond, au sein d'un algorithme unique. Concrètement, cette approche combinée consiste à intégrer des éléments essentiels d'une méthode dans le cadre de l'autre (Barnett et al., 2021). Par exemple, dans le cas du RàPC, l'adaptation des cas peut être réalisée à l'aide d'un réseau de neurones profond, ou les règles d'adaptation peuvent être générées par apprentissage profond.

3.5.1 Applications hybrides du raisonnement à partir de cas et de l'apprentissage profond en médecine

Dans cette partie, nous explorons les études qui intègrent le raisonnement basé sur les cas et l'apprentissage profond, en mettant l'accent sur leur application dans le domaine médical. Compte tenu de la rareté de ces travaux dans ce domaine spécifique, nous incluons également des études provenant d'autres domaines d'application utilisant cette hybridation (voir le Tableau 3.3). Cette expansion met en évidence l'augmentation de l'utilisation combinée du raisonnement basé sur les cas et de l'apprentissage profond à travers diverses disciplines.

1. Secteur médical

Dans le secteur médical, plusieurs recherches récentes ont suggéré des méthodes intégrant les atouts du RàPC avec ceux de l'apprentissage profond pour optimiser les résultats dans des domaines tels que la classification, la segmentation et la recommandation, parmi d'autres.

Nasiri et ses collègues (Nasiri et al., 2018) ont conçu un système pour classifier les lésions cutanées en combinant un réseau de neurones convolutif (CNN) avec le RàPC. Cette approche a permis une extraction améliorée des caractéristiques distinctives des lésions cutanées.

En 2019, Gao et al. (Gao et al., 2019) ont exploré une approche combinant le RàPC et l'apprentissage profond pour la classification des lésions œsophagiennes précoces à partir d'images d'endoscopie, visant à améliorer la détection précoce des lésions potentiellement cancéreuses.

Une autre recherche menée par Corbat et ses collègues (Corbat et al., 2020) a présenté une méthode combinant le RàPC et les CNN pour la segmentation des tumeurs rénales, ce qui aide à surmonter les problèmes de conflits de pixels souvent rencontrés lors de l'agrégation des segmentations individuelles.

De plus, Barnett et al. (Barnett et al., 2021) ont présenté un algorithme de réseau de neurones convolutif interprétable, utilisant le RàPC pour la classification d'images mammographiques, offrant des explications détaillées pour les décisions prises.

Dans le contexte de la pandémie de COVID-19, Gao et Gao (Gao & Gao, 2021) ont appliqué une approche de RàPC basée sur un autoencodeur pour classifier la COVID-19 à partir d'images de radiographie thoracique, démontrant des performances similaires ou meilleures par rapport à d'autres systèmes d'IA.

Une recherche récente, menée par les auteurs Bouzar-Benlabiod et al. (Bouzar-Benlabiod et al., 2023), a introduit une nouvelle architecture pour la détection du cancer du sein à partir d'images mammographiques. Leur approche combine le RàPC et l'apprentissage profond pour produire une classification explicable des images, en utilisant notamment un réseau de segmentation U-Net pour extraire les régions d'intérêt. Testée sur le dataset CBIS-DDSM, leur méthode a surpassé des approches ML et DL existantes, mettant en lumière l'efficacité de cette hybridation pour la détection de maladies graves.

2. Autres domaines

Dans d'autres domaines que le médical, diverses recherches ont également exploité l'hybridation du raisonnement à partir de cas (RàPC) et de l'apprentissage profond pour des applications variées.

Par exemple, Grace et al. (Grace et al., 2016) ont proposé un modèle RàPC pour la génération de recettes créatives, combinant le autoencodeur variationnel avec le RàPC pour générer de nouveaux concepts culinaires.

López-Sánchez, Corchado et al. (López-Sánchez et al., 2017) ont utilisé cette hybridation pour la classification des pages Web, en combinant le RàPC avec le modèle VGG-16 pour classer les nouvelles pages Web par similarité avec des cas déjà classés.

Les auteurs Sani et al. (Sani et al., 2017) ont abordé la reconnaissance automatique d'activités humaines à partir de séquences vidéo. Ils ont utilisé une méthode qui associe un réseau de neurones convolutifs pour extraire des caractéristiques de base à partir des images vidéo, avec un classifieur de type k plus proches voisins (kNN) pour évaluer la similarité temporelle et ainsi classer les vecteurs afin d'identifier l'activité humaine associée.

Li et al. (Li et al., 2018) ont développé une architecture de réseau de neurones profonds avec autoencodeur et couche prototype, appliquée avec succès à la classification d'images de chiffres manuscrits, de voitures en 3D et de mode, démontrant ainsi son efficacité dans divers contextes de classification d'images.

Amin et al. (Amin et al., 2018) ont développé une approche hybride utilisant des réseaux de neurones profonds, notamment les modèles Word2Vec et LSTM, intégrés au sein d'un système de RàPC textuel pour améliorer la gestion des tickets dans l'industrie automobile. Leur recherche, basée sur l'analyse de

5000 cas, a prouvé l'efficacité de leur approche hybride en améliorant significativement les stratégies de priorisation des tickets.

Turner et al. (Turner et al., 2019) ont développé une méthode pour détecter de nouveaux types d'objets dans les images en associant les réseaux de neurones convolutifs (CNN) avec la technique RàPC. Les CNN étaient utilisés pour étiqueter les objets déjà connus, tandis que la RàPC se chargeait de la détection des nouveaux types d'objets.

Ye et al. (Ye et al., 2021) ont optimisé la prédiction de l'âge facial dans les systèmes RàPC en intégrant l'apprentissage profond avec une approche heuristique basée sur les différences de cas. Leur méthode implique l'utilisation d'un réseau de neurones convolutifs (CNN) pour extraire les caractéristiques faciales, suivi par une comparaison de deux techniques de remémoration de cas : la distance de Manhattan et un réseau de neurones siamois, afin d'apprendre les adaptations entre les paires de cas.

Louati et al. (Louati et al., 2021) ont développé une méthode intégrant l'apprentissage profond avec la RàPC pour une gestion proactive et adaptable des urgences liées au trafic. Leur système, appelé TEMS, utilise des réseaux de neurones convolutifs et des couches LSTM pour extraire des caractéristiques à partir des données de trafic, en appliquant divers filtres en fonction des types de véhicules. Ces caractéristiques servent ensuite à retrouver des cas similaires dans une base de données d'incidents de trafic antérieurs, facilitant ainsi la prévision de l'évolution du trafic.

Le Tableau 3.3 résume ces systèmes en mettant en évidence leurs objectifs, les modèles d'apprentissage profond hybridés avec le RàPC.

Tableau 3.3 : Synthèse des systèmes combinant le raisonnement à partir cas et l'apprentissage profond dans les contextes médicaux et autres.

Référence	Objectif	Modèle d'apprentissage profond hybridé avec le RàPC	Domaine d'application
(Nasiri et al., 2018)	Classification	CNN	Lésions cutanées
(Gao et al., 2019)	Classification	Architecture basée sur un Autoencodeur	Cancer de l'œsophage
(Corbat et al., 2020)	Segmentation	CNN	Tumeurs rénales
(Barnett et al., 2021)	Classification	CNN	Mammographie mammaire
(Gao & Gao, 2021)	Classification	Architecture basée sur un Autoencoder	COVID-19
(Bouzar-Benlabiod et al., 2023)	Classification	U-Net	Cancer du sein
(Grace et al., 2016)	Génération	Autoencodeur Variationnel	Recettes culinaires
(López-Sánchez et al., 2017)	Classification	VGG-16	Pages Web
(Sani et al., 2017)	Classification	CNN	Activités humaines
(Li et al., 2018)	Classification	Autoencodeur	Images de Chiffres Manuscrits, Images de Voitures en 3D,

			Images de Mode
(Amin et al., 2018)	Recommandation	Word2Vec, LSTM	Gestion des ticket
(Turner et al., 2019)	Classification	CNN	Découverte d'objets dans les images
(Ye et al., 2021)	Régression	Réseau de neurones Siamese	Prédire l'âge d'une personne en analysant une image de son visage.
(Louati et al., 2021)	Classification et prédiction	CNN, LSTM	Gestion du trafic et des urgences routières

3.6 Synthèse sur l'hybridation entre l'apprentissage profond et le RàPC

Ce chapitre propose une analyse des recherches scientifiques, en mettant en lumière l'application spécifique du raisonnement à partir de cas et de l'apprentissage profond dans le domaine médical. Cette analyse révèle que, malgré les performances acceptables obtenues par ces deux paradigmes lorsqu'ils sont appliqués séparément, ils présentent des limites spécifiques. À titre d'exemple, l'étude menée par Huang et al. (Huang et al., 2007) souligne les difficultés du RàPC à généraliser sur de nouveaux cas en l'absence d'une base de cas suffisamment riche et diversifiée. De manière analogue, l'analyse de Castelvechi (Castelvechi, 2016) attire l'attention sur les enjeux d'interprétabilité associés aux modèles d'apprentissage profond, souvent perçus comme des boîtes noires.

Afin de surmonter ces obstacles, des recherches novatrices ont proposé l'hybridation du RàPC et de l'apprentissage profond comme solution prometteuse. Cette stratégie cherche à tirer parti des atouts complémentaires de chaque méthode, en utilisant la capacité du RàPC à offrir des solutions interprétables et personnalisées, tout en profitant de l'efficacité de l'apprentissage profond pour traiter de vastes ensembles de données complexes. Le Tableau 3.3 présente un éventail d'études ayant adopté cette hybridation, couvrant à la fois des applications médicales et non médicales.

Les figures 3.1 et 3.2 détaillent respectivement le pourcentage des objectifs d'utilisation de l'hybridation entre le RàPC et les modèles d'apprentissage profond et le Pourcentage d'application de l'hybridation entre le RàPC et les modèles d'apprentissage profond dans les travaux de la littérature dans les domaines médical et non médical.

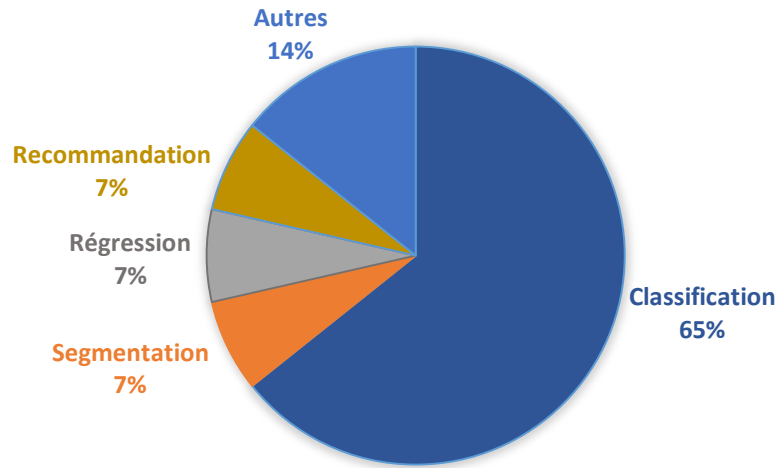


Figure 3.1. Pourcentage des objectifs d'utilisation de l'hybridation entre le RàPC et les modèles d'apprentissage profond dans les travaux de la littérature dans les domaines médical et non médical.

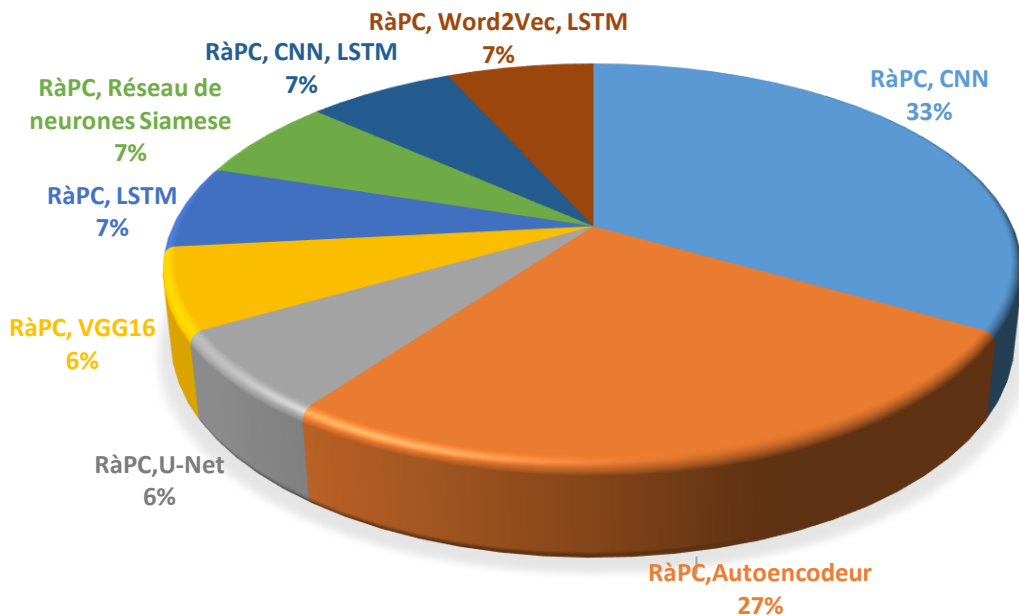


Figure 3.2. Pourcentage d'utilisation de l'hybridation entre le RàPC et les modèles d'apprentissage profond dans les travaux de recherche en médecine et dans d'autres domaines.

Les données exposées dans la Figure 3.1 indiquent que l'hybridation du RàPC avec l'apprentissage profond cible principalement des objectifs de classification, que ce soit dans le domaine médical ou non. Cette orientation stratégique est illustrée par des études telles que celle de Nasiri et al. (Nasiri et al., 2018) pour la classification des lésions cutanées, celle de Gao et al. (Gao et al., 2019) pour la classification du cancer de l'œsophage, et celle de Bouzar-Benlabiod et al. (Bouzar-Benlabiod et al., 2023) pour la classification du cancer du sein, parmi d'autres exemples.

La Figure 3.2 met en avant la corrélation courante entre les Réseaux de Neurones Convolutifs (CNN) et le RàPC, en particulier pour l'assistance au diagnostic par ordinateur grâce à l'analyse d'images médicales. Cette approche hybride a été mise en œuvre, par exemple, par Corbat et al. (Corbat et al., 2020) pour la segmentation des tumeurs rénales dans le secteur médical, et par Turner et al. (Turner et al., 2019) pour la classification de nouveaux objets dans des images dans un cadre non médical.

3.7 Conclusion

L'intégration du raisonnement à partir de cas avec l'apprentissage profond devient une stratégie prometteuse pour améliorer la précision, la fiabilité et l'efficacité des systèmes d'aide à la décision en médecine. Cette méthode combinée vise à tirer parti des forces respectives de chaque méthode, tout en palliant leurs limites individuelles. L'hybridation consiste à intégrer les capacités d'apprentissage et de généralisation des modèles d'apprentissage profond avec l'exploitation de l'expérience accumulée sous forme de cas et l'adaptation des résultats du RàPC.

Ce chapitre présente une revue approfondie des recherches existantes dans la littérature qui explorent l'intégration de la programmation par contraintes (RàPC) et de l'apprentissage profond. Nous avons d'abord examiné séparément les applications, avantages et limites de chacune des deux approches dans le contexte médical. Le RàPC s'est révélé particulièrement adapté pour fournir des solutions interprétables et personnalisées, mais peinant à généraliser sur des cas inédits. En revanche, l'apprentissage profond se distingue par sa capacité à extraire automatiquement des caractéristiques essentielles à partir de vastes ensembles de données complexes, mais il présente des limites en termes d'interprétabilité. Nous avons ensuite exploré l'intérêt d'hybrider ces deux paradigmes complémentaires et analysé différentes stratégies d'hybridation proposées dans la littérature.

Bien que les études exploitant cette hybridation dans le domaine médical demeurent encore limitées, les applications concrètes décrites, allant du diagnostic de pathologies à l'analyse d'images médicales, démontrent le potentiel significatif de cette approche hybride. C'est pourquoi nous avons également inclus des travaux issus d'autres domaines que le médical. Notre analyse a révélé que l'hybridation se concentre principalement sur les tâches de classification, en intégrant souvent des réseaux de neurones convolutifs avec des approches basées sur le RàPC.

Chapitre Quatre :

Conception d'une Approche Hybride pour la Classification de la Maladie Cardiaque

Chapitre Quatre :

Conception d'une Approche Hybride pour la Classification de la Maladie Cardiaque

4.1 Introduction

Au sein du domaine médical, les maladies cardiovasculaires occupent une position prééminente en tant que pathologies parmi les plus mortelles et les plus répandues affectant la population à l'échelle mondiale, constituant ainsi un enjeu majeur de santé publique. Selon l'Organisation Mondiale de la Santé, elles constituent la première cause de mortalité dans le monde, avec un bilan annuel de 17,9 millions de vies humaines fauchées (Absar et al., 2022). La capacité à détecter ces maladies de manière précoce et à établir un diagnostic fiable est donc cruciale pour améliorer la prise en charge thérapeutique et le pronostic des patients concernés.

Toutefois, les méthodes diagnostiques traditionnelles, largement dépendantes de l'expertise clinique et de l'analyse manuelle de données telles que les symptômes du patient, les résultats d'examens cliniques (ECG, imagerie médicale, etc.) et les antécédents médicaux, sont susceptibles d'engendrer des erreurs et des inexactitudes, problématique exacerbée par l'augmentation exponentielle du volume de données médicales relatives aux maladies cardiovasculaires.

Afin de relever ces défis, les techniques d'apprentissage automatique (Machine Learning, ML) et d'apprentissage profond (Deep Learning, DL) ont émergé comme des solutions prometteuses pour automatiser et accroître la précision du diagnostic des maladies cardiaques. De nombreuses études ont exploré leur potentiel dans ce domaine. Néanmoins, chacune de ces approches présente des limites inhérentes lorsqu'elle est utilisée seule.

Les modèles d'apprentissage profond requièrent une puissance de calcul importante pour l'entraînement et l'utilisation de grands ensembles de données, tandis que les méthodes d'apprentissage automatique exigent encore des interventions manuelles pour l'extraction, la sélection et la réduction des caractéristiques (Garg & Mago, 2021). Un autre désavantage des techniques d'apprentissage automatique et d'apprentissage profond réside dans leur incapacité à fournir des explications pour leurs prédictions, ce qui peut nécessiter une étape supplémentaire de vérification et d'explication pour la validité de leurs résultats.

De plus, le RàPC offre l'avantage de fournir des explications et des justifications pour les décisions prises, en s'appuyant sur des cas antérieurs similaires. Il existe donc une forte motivation à proposer un cadre novateur de raisonnement à partir de cas (RàPC) hybridé avec les modèles d'apprentissage automatique et d'apprentissage profond, afin d'exploiter les avantages complémentaires de ces différents

paradigmes et surmonter les limites de ces approches, en vue d'une prédiction optimale des maladies cardiovasculaires. Les apports essentiels de notre première contribution incluent :

- Modélisation de la phase de remémoration du cycle RàPC en intégrant les modèles d'apprentissage automatique et d'apprentissage profond, ainsi que leur hybridation pour prédire la présence ou l'absence de maladie cardiaque pour un nouveau cas cible,
- Intégration de l'algorithme Boruta dans la phase de création de la base de cas pour sélectionner le sous-ensemble des caractéristiques les plus pertinentes des deux ensembles de données utilisés,
- La proposition d'un modèle de réseau de neurones convolutifs unidimensionnel (1D CNN) pour l'extraction efficace des caractéristiques à partir des vecteurs d'attributs,
- Proposition d'un algorithme d'adaptation guidant la phase de remémoration pour la prédiction de la maladie cardiaque,

La suite de ce chapitre détaille l'approche proposée et les différentes étapes de sa mise en œuvre, avant de présenter et discuter les résultats obtenus. En conclusion, nous exposerons des perspectives d'amélioration susceptibles d'enrichir la démarche proposée.

4.2 Approche hybride proposée

Cette section décrit les étapes essentielles de la méthode proposée pour améliorer la prédiction de la présence ou de l'absence de maladies cardiaques. Le but principal est d'accroître l'efficacité du diagnostic chez les patients en utilisant la phase de remémoration du cycle RàPC, sous l'influence de la phase d'adaptation. Comme le montre la Figure 4.1, la méthode suggérée se décompose en les étapes successives suivantes :

- (1) **Création de la base de cas** : La première étape consiste à créer la base de cas du système RàPC en utilisant les données cardiaques initiales. Cette étape se divise en deux sous-parties : d'abord, le prétraitement des données, tel que décrit dans la section 4.2.2, puis la sélection des caractéristiques principales (attributs) parmi l'ensemble des attributs, en appliquant une méthode d'enveloppe, comme expliqué dans la section 4.2.3.1.
- (2) **La phase de remémoration** : Cette étape vise à prédire de manière précise si un nouveau patient présente ou non une maladie cardiaque. Cette prédiction est effectuée en utilisant un vote majoritaire (résultat maximum) pour les résultats générés par les modèles d'apprentissage automatique (Machine Learning, ML), d'apprentissage profond (Deep Learning, DL) et d'hybridation DL-ML. Les différents classificateurs utilisés, qu'ils soient basés sur le ML, le DL ou une combinaison DL-ML, sont présentés et expliqués en détail dans la section (4.2.5). Cette phase de remémoration constitue le cœur de notre approche suggérée, combinant les forces complémentaires des techniques d'apprentissage automatique et d'apprentissage profond pour une prédiction plus robuste.

(3) **La phase d'adaptation** : Cette étape sert à ajuster la prédiction de classe (résolution du nouveau cas) produite par la phase de remémoration, en se basant sur l'évaluation de la mesure d'adaptation. Cette correction est réalisée grâce à un ensemble de règles d'adaptation, dérivées et validées par un cardiologue expert à partir des données disponibles. L'inclusion de cette phase d'adaptation permet d'améliorer les résultats de la phase de remémoration en tirant parti des connaissances spécialisées dans le domaine médical.

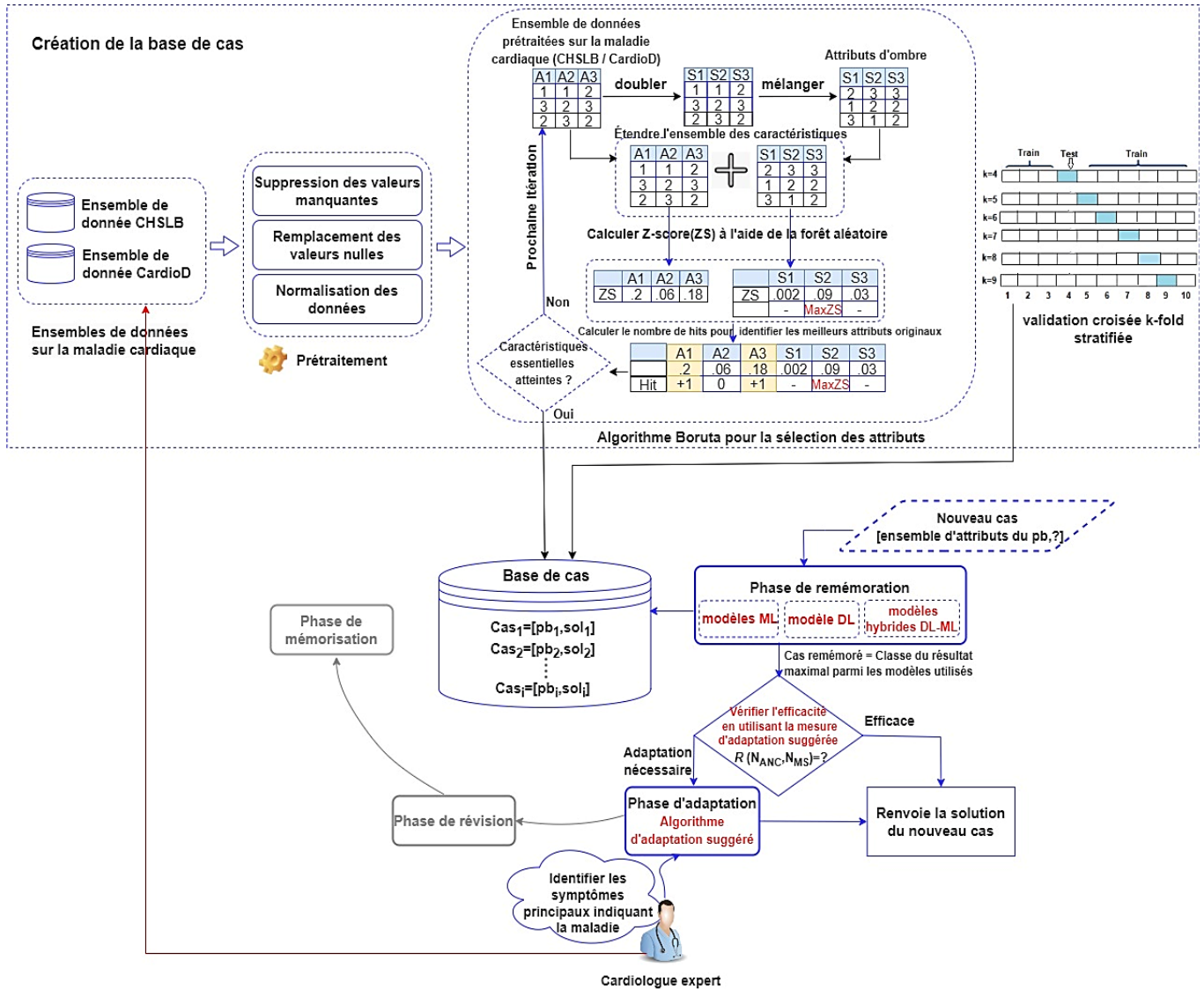


Figure 4.1. Illustration schématique de l'approche suggérée (Gasmi et al., 2023).

Notre approche s'efforce d'exploiter les atouts combinés du raisonnement à partir de cas, de l'apprentissage automatique et de l'apprentissage profond. Tandis que le raisonnement à partir de cas offre une base robuste pour la prise de décision et l'explication des choix, les modèles d'apprentissage automatique et d'apprentissage profond renforcent la capacité de généralisation. En combinant ces différents paradigmes, cette approche proposée a pour objectif d'offrir une solution intégrée et performante pour le diagnostic précoce des maladies cardiaques, alliant précision, explicabilité et adaptabilité.

4.2.1 Jeux de données liés aux maladies cardiaques

Pour notre étude, nous avons mis en œuvre une méthode hybride pour prédire les maladies cardiaques, que nous avons ensuite évaluée de manière rigoureuse en utilisant deux ensembles de données différents, chacun reflétant différentes caractéristiques de cette pathologie complexe. La diversification des sources de données enrichit notre analyse en incorporant une variété de cas cliniques et de variables biomédicales, Cela améliore la précision et l'applicabilité de notre méthode. Les explications approfondies concernant ces ensembles de données, CHSLB (Lapp, 2019) et CardioD (Ulianova, 2019) , sont exposées dans les sous-sections suivantes.

4.2.1.1 Description de l'ensemble de données CHSLB de la maladie cardiaque

Le jeu de données CHSLB regroupe 1 025 enregistrements de patients, provenant de quatre ensembles de données distincts : Cleveland, Hongrie, Suisse et Long Beach. L'ensemble de données comprend à l'origine 76 attributs, mais notre étude se focalise sur 14 attributs spécifiques, choisis en raison de leur pertinence dans le diagnostic des maladies cardiaques, comme indiqué dans des recherches précédentes.

La distribution des classes dans ce jeu de données est représentée dans la Figure 4.2. avec 526 enregistrements appartenant à la classe "maladie cardiaque" et 499 appartenant à la classe "Pas de maladie cardiaque". Le Tableau 4.1 offre un aperçu succinct des caractéristiques du jeu de données CHSLB.

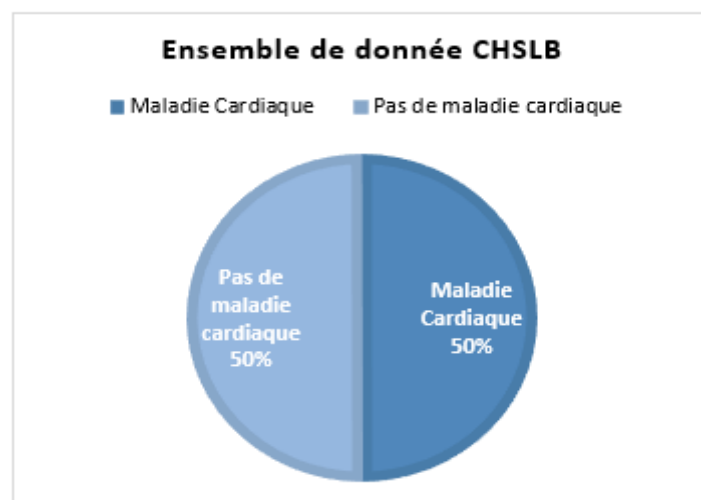


Figure 4.2. Répartition en pourcentage des différentes catégories dans le jeu de données CHSLB.

Tableau 4.1. Description succincte des caractéristiques du jeu de données CardioD.

Caractéristique	Catégorie	Détail	Valeurs
-----------------	-----------	--------	---------

age	Entier	Âge du patient (en années)	[29,77]
sex	Catégorique	0 : féminin et 1 : masculin	0-1
cp	Nominal	Type de douleur thoracique (douleur angineuse) Il existe quatre types de douleurs thoraciques, qui sont : 0 : typique, 1 : atypique, 2 : non angineuse, 3 : asymptomatique	[0,3]
trestbps	Entier	Pression artérielle au repos (lors de l'admission à l'hôpital), de 94 à 200 mm/Hg	[94,200]
chol	Entier	Taux de cholestérol, de 126 à 564 mg/dl	[126,564]
fbs	Binaire	Le glucose sanguin (à jeun) est-il supérieur à 120 mg/dl ? (1 : oui, 0 : non)	0-1
restecg	Nominal	Résultats de l'électrocardiographie au repos, il existe 3 cas : 0 : normal, 1 : montrant une anomalie de l'onde ST-T (inversions de l'onde T et/ou élévation ou dépression du segment ST > 0,05 mV), 2 : indiquant une hypertrophie ventriculaire gauche probable ou avérée (selon les critères d'Estes)	[0,2]
thalach	Entier	Fréquence cardiaque maximale, de 71 à 202	[71,202]
exang	Binaire	Angine induite par l'exercice (1 : vrai, 0 : faux)	0-1
oldpeak	Flottant	Induction de la dépression du segment ST par l'exercice comparée au repos, de 0 à 6,2	[0,6,2]
slope	Nominal	La pente du segment AST lors de l'effort maximal, 0 : représente une pente ascendante, 1 : représente une pente plate, 2 : indique une pente descendante.	[0,2]
ca	Nominal	Nombre de vaisseaux principaux (0, 1, 2, 3) colorés par fluoroscopie	[0,3]
thal	Nominal	Trouble sanguin appelé thalassémie, 1 : défaut fixe, 2 : flux sanguin normal, 3 : défaut réversible	[1,3]
target	Binaire	Pour le diagnostic de la maladie cardiaque, il existe deux classes qui sont : 0 : rétrécissement du diamètre inférieur à 50 % (absence de maladie), 1 : rétrécissement du diamètre supérieur à 50 % (présence de maladie).	0-1

4.2.1.2 Présentation du jeu de données CardioD relatif aux maladies cardiaques

L'ensemble de données sur les maladies cardiovasculaires disponible sur Kaggle, que nous avons nommé "CardioD", se compose de 70000 enregistrements de patients, chacun étant défini par 12 attributs. Un nouvel attribut, l'indice de masse corporelle (Body Mass Index, BMI), a été calculé et ajouté conformément à l'équation (4.1) :

$$BMI_i = \frac{Poids_i}{Taille_i^2}, i = 1, \dots, 70000 \quad (4.1)$$

Où Poids désigne le poids du patient et Taille indique sa taille, avec 'i' représentant le nombre total de patients dans l'ensemble de données. BMI est un facteur important pour les tests médicaux cardiaques. La Figure 4.3 illustre la distribution des classes au sein de cet ensemble, avec 35021 enregistrements attribués à la classe "maladie cardiaque" et 34979 à "pas de maladie cardiaque", offrant un équilibre propice à l'entraînement de modèles diagnostiques précis. Le Tableau 4.2 présente une description sommaire des 13 attributs, enrichie par l'indice de masse corporelle, pour l'ensemble de données CardioD.

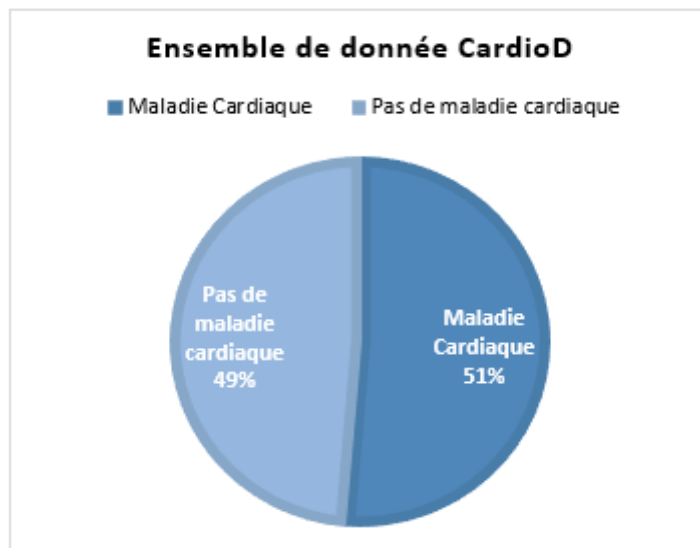


Figure 4.3. Répartition en pourcentage des différentes catégories dans le jeu de données CardioD.

Tableau 4.2. Description succincte des caractéristiques du jeu de données CardioD.

Caractéristique	Catégorie	Détail	Valeurs
age	Entier	Âge du patient (en années)	[30,65]
gender	Catégorique	0 : féminin et 1 : masculin	0-1
height	Entier	Taille du patient en cm, de 55 à 250	[55,250]
weight	Flottant	Poids du patient en kg, de 10 à 200	[10,200]
ap_hi	Entier	Pression artérielle systolique, de -150 à 16020 mmHg	[-150,16020]
ap_lo	Entier	Pression artérielle diastolique, de -70 à 11000 mmHg	[-70,11000]
cholesterol	Nominal	Concernant le cholestérol, il existe trois niveaux qui sont : 1 : normal, 2 : élevé, 3 : bien au-dessus de la normale.	1-3
gluc	Nominal	Pour le glucose, il existe trois niveaux qui sont : 1 : normal, 2 : élevé, 3 : bien plus élevé que la normale.	1-3
smoke	Binaire	1 : fumeur et 0 : non-fumeur	0-1
alco	Binaire	1 : alcoolique, 0 : non-alcoolique	0-1
active	Binaire	1 : pratique de l'exercice, 0 : ne pratique pas d'exercice	[3.5,298.7]
bmi	Flottant	Indice de masse corporelle, de 3.5 à 298.7	0-1
cardio	Binaire	Pour le diagnostic des maladies cardiaques, il existe deux classes qui sont : 0 : absence de maladie cardiaque, 1 : présence de maladie cardiaque	0-1

4.2.2 Prétraitement des ensembles de données de la maladie cardiaque utilisés

Le prétraitement des données est une étape essentielle pour assurer la qualité et l'uniformité des informations avant toute analyse ou modélisation. Ainsi, les ensembles de données relatifs aux maladies cardiaques (CHSLB et CardioD) ont été soigneusement prétraités pour éliminer les valeurs aberrantes et les données manquantes susceptibles d'influencer les résultats de la classification.

L'ensemble de données CHSLB présente 25 valeurs manquantes réparties entre les attributs "ca" et "thal", avec respectivement 18 et 7 valeurs manquantes pour chacun, tandis que l'ensemble de données CardioD ne contient aucune valeur manquante. Pour remédier à cette lacune, nous avons remplacé les valeurs manquantes des attributs "ca" et "thal" par leur médiane respective. Ensuite, nous avons choisi de

normaliser les données en utilisant la méthode de standardisation z-score pour uniformiser la répartition des attributs numériques dont la distribution était irrégulière. Les attributs concernés sont : "âge", "trestbps", "chol", "thalach", "oldpeak" pour l'ensemble de données CHSLB et "âge", "taille", "poids", "ap_hi", "ap_lo", "bmi" pour l'ensemble de données CardioD. En utilisant cette méthode de standardisation, définie par l'équation (4.2), toutes les caractéristiques numériques seront ajustées de manière à avoir une moyenne proche de 0 et un écart type égal à 1.

$$x_{std} = \frac{x_i - \mu}{\sigma} \quad (4.2)$$

Où x_i représente la valeur d'un attribut à la position i que nous souhaitons normaliser, x_{std} est la valeur normalisée obtenue, μ désigne la moyenne de l'attribut, et σ correspond à son écart-type.

4.2.3 Méthodes de sélection de caractéristiques

Dans le processus d'apprentissage profond ou d'apprentissage automatique, il est approprié d'éviter l'utilisation de caractéristiques inutiles qui affectent négativement les performances (précision, temps) des classificateurs, en sélectionnant le sous-ensemble de caractéristiques cruciales et pertinentes qui correspondent aux principaux symptômes d'une maladie donnée. Un sous-ensemble d'attributs est choisi en utilisant des méthodes de sélection de caractéristiques. Comme illustré dans la Figure 4.4, on distingue quatre types différents de techniques supervisées pour cette sélection :

- (1) **Méthodes de filtrage** : la sélection d'un sous-ensemble de caractéristiques pertinentes parmi toutes les caractéristiques d'un ensemble de données est effectuée en utilisant des métriques statistiques telles que le ratio de valeurs manquantes, le gain d'information, le score de Fisher, etc. Cette approche ne repose pas sur des algorithmes d'apprentissage et demande un temps de calcul minimal pour éliminer les caractéristiques non pertinentes et identifier les plus importantes (Abdollahi & Nouri-Moghaddam, 2022).
- (2) **Méthodes d'enveloppement** : L'évaluation de la pertinence des caractéristiques choisies à partir d'un ensemble de données repose sur l'utilisation d'un algorithme d'apprentissage spécifique. Autrement dit, la sélection des caractéristiques essentielles dépend des performances de cet algorithme. Ce processus de sélection continue jusqu'à ce qu'un critère d'arrêt défini soit atteint. Parmi les techniques d'enveloppement, on distingue la sélection de caractéristiques avant, la sélection de caractéristiques arrière et la sélection de caractéristiques récursive, entre autres. Ces méthodes sont généralement jugées plus précises que les méthodes de filtrage (Khair & Dhanalakshmi, 2022).
- (3) **Méthodes intégrées** : dans cette méthode, l'algorithme de classification intègre la sélection de caractéristiques. Le classificateur ajuste ses paramètres internes et sélectionne les poids appropriés attribués à chaque caractéristique pour atteindre la plus haute performance de classification lors de la phase d'entraînement. Dans cette approche, la sélection du sous-ensemble optimal de

caractéristiques et la création du modèle sont réalisées simultanément dans une seule étape. Quelques exemples de méthodes intégrées comprennent la régularisation L1 et L2, l'importance de la forêt aléatoire, etc (Khaire & Dhanalakshmi, 2022).

- (4) **Méthodes hybrides** : la sélection de caractéristiques essentielles est réalisée en hybridant plusieurs techniques fiables et efficaces plutôt qu'en utilisant une seule technique. Cela pourrait impliquer l'utilisation combinée de techniques de filtrage, d'enveloppement et intégrées, afin de bénéficier des avantages spécifiques de chaque méthode et d'atteindre une sélection optimale des caractéristiques (Abiodun et al., 2021).

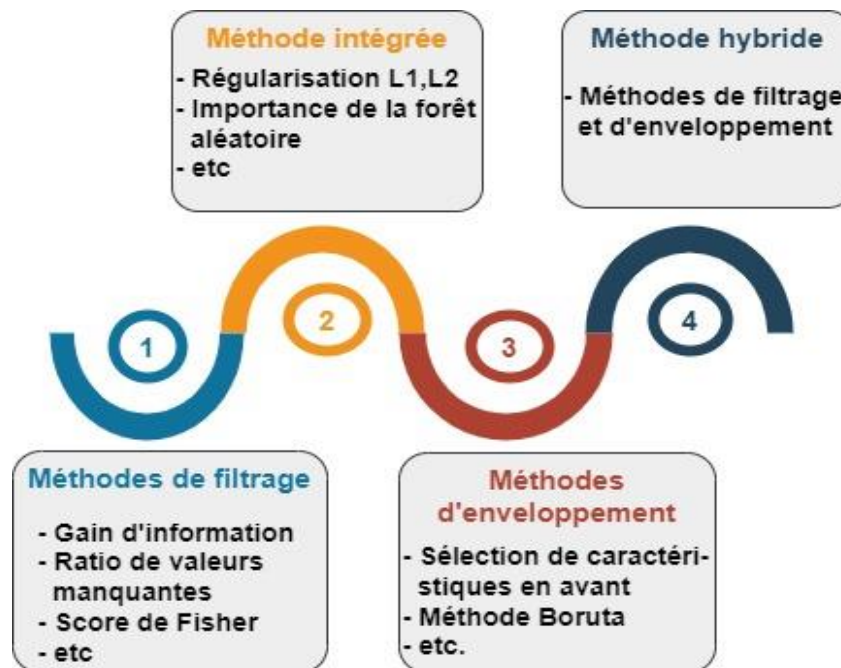


Figure 4.4. techniques de sélection de caractéristiques supervisées (Vishraj et al., 2023).

Notre approche proposée vise à prédire avec précision la présence d'une maladie cardiaque chez un patient, en utilisant un nombre réduit de symptômes (caractéristiques de la maladie). À cette fin, nous exploitons l'une des méthodes d'enveloppement, à savoir la méthode Boruta décrite ci-dessous. Cette méthode a prouvé son efficacité pour choisir les caractéristiques les plus pertinentes, ce qui améliore la précision des tâches de classification, de prédiction ou de détection dans divers domaines, comme illustré dans (Chen et al., 2022) (He et al., 2022), etc.

Nous avons choisi d'exploiter cette technique d'enveloppement parmi d'autres techniques de sélection de caractéristiques supervisées puisque elle utilise une technique appelée sélection de caractéristiques toutes pertinentes (all-relevant feature selection), qui prend en compte tous les attributs liés à l'attribut de sortie ; alors que la plupart des autres techniques adoptent une stratégie minimale optimale, en se basant sur un petit sous-ensemble de caractéristiques qui minimise les erreurs sur un classificateur choisi. De plus,

elle prend en considération les corrélations multiples entre les attributs et a la capacité de vérifier leurs interactions (Ahmadpour et al., 2021).

4.2.3.1 Méthode Boruta

L'algorithme Boruta (Paja et al., 2018) pour la sélection d'un sous-ensemble d'attributs consiste à conserver tous les attributs importants liés à l'attribut cible (classe) dans l'ensemble de données et à éliminer les attributs redondants et inutiles. Les étapes de l'algorithme Boruta (Figure 4.5) sont résumées comme suit :

- (1) Initialement, les attributs originaux de l'ensemble de données sont dupliqués en ajoutant les attributs d'ombre (copies de tous les attributs).
- (2) Les valeurs de chaque attribut d'ombre sont mélangées pour éliminer leurs corrélations avec l'attribut cible.
- (3) Ensuite, un classificateur de forêt aléatoire est entraîné sur l'ensemble de données d'attributs étendus (attributs originaux fusionnés avec les attributs d'ombre), la sortie étant un Z_score pour chaque attribut, calculé comme suit :

$$Z_score = \left(\frac{\text{importance} - \text{moyenne_Ombre}}{\text{écart_typeOmbre}} \right) \quad (4.3)$$

Où, importance fait référence au score d'importance de l'attribut calculé en utilisant la métrique de diminution moyenne de l'impureté (Mean Decrease Impurity, MDI) sur l'ensemble de données original, moyenne_Ombre est la moyenne du score d'importance des attributs d'ombre, et écart_typeOmbre est l'écart type des scores d'importance des attributs d'ombre. Le Z_score d'un attribut d'ombre est calculé de la même manière que le Z_score de l'attribut original.

$$Z_scoreOmbre = \left(\frac{\text{importanceOmbre} - \text{moyenneOmbre}}{\text{écart_typeOmbre}} \right) \quad (4.4)$$

Où, importanceOmbre représente le score d'importance d'un attribut, déterminé en utilisant la métrique de réduction moyenne de l'impureté (MDI) appliquée aux caractéristiques d'ombre associées,

- (4) Le Z-score maximum (MaxZS) est identifié parmi les attributs d'ombre, et un coup (a hit) est attribué à chaque attribut original ayant une importance supérieure à MaxZS.
- (5) Un test d'égalité bidirectionnel avec MaxZS est effectué.
- (6) Les attributs ayant une importance inférieure à MaxZS sont supprimés de l'ensemble d'attributs étendu (attributs non pertinents).
- (7) Les attributs ayant une importance supérieure à MaxZS sont conservés dans l'ensemble d'attributs étendu et considérés comme importants. L'explication de ce test est détaillée dans (Kursa et al., 2010).
- (8) Enfin, tous les attributs d'ombre dans l'ensemble d'attributs étendu sont supprimés.
- (9) Les étapes ci-dessus (1-8) sont répétées jusqu'à ce qu'une importance soit attribuée à tous les attributs ou que l'algorithme atteigne la limite d'itérations précédemment définie.

```

Algorithm 1: Pseudocode Boruta algorithm
Input:
Originalprehd: Preprocessed original heart dataset containing the predictor variables
and the decision variable;
NbRandomFrns: Number of Random Forest runs;
Output: Final Set (FSet) of relevant and irrelevant Attributes (Att);
Begin
ConfirmedAttSet =  $\emptyset$ ;
RejectedAttSet =  $\emptyset$ ;
hit(Att) = 0 for all attributes(Att) in Originalprehd without the decision variable;
for i = 1 to NbRandomFrns do
  OriginalAttributes = Originalprehd [Attributes];
  ShadowAttributes = permute(OriginalAttributes);
  ExtendedAttributes = concatenate(OriginalAttributes, ShadowAttributes);
  ExtendedDataset = concatenate(ExtendedAttributes, Originalprehd[decision]);
  ZScoreSet = RandomForest(ExtendedDataset);
  MaxZS = max(ZScoreSet(ShadowAttributes));
  for each Att  $\in$  OriginalAttributes do
    if (ZScoreSet(Att) > MaxZS) then
      hit(Att) += 1
  for each Att  $\in$  OriginalAttributes do
    if (hit(Att) > 0) then
      significance(Att) = twoSidedEqualityTest(Att)
      if (significance(Att) > MaxZS) then
        ConfirmedAttSet = ConfirmedAttSet  $\cup$  {Att}
      else if (significance(Att) < MaxZS) then
        RejectedAttSet = RejectedAttSet  $\cup$  {Att}
  end
FSet  $\leftarrow$  ConfirmedAttSet  $\cup$  RejectedAttSet;
End

```

Figure 4.5. Pseudocode de l'algorithme Boruta (Paja et al., 2018).

Les résultats obtenus en utilisant l'algorithme Boruta pour identifier les attributs clés des ensembles de données CHSLB et CardioD sont présentés dans le Tableau 4.3, sachant que 50 estimateurs ont été utilisés pour construire la forêt aléatoire. Nous avons obtenu respectivement 11 et 9 attributs importants après l'application de la méthode Boruta sur les 13 et 12 attributs des ensembles de données CHSLB et CardioD.

Tableau 4.3. Résultats de la sélection d'attributs par l'algorithme Boruta.

Jeu de données CHSLB		Jeu de données CardioD	
Nombre d'attributs clés	Attributs sélectionnés	Nombre d'attributs clés	Attributs sélectionnés
11	age, sex, cp, trestbps, chol, thalach, exang, oldpeak, slope, ca, thal	9	age, height, weight, ap_hi, ap_lo, cholesterol, gluc, active, bmi

4.2.4 Création de la base de cas du RàPC

Dans notre méthode de prédiction des maladies cardiaques, la base de cas (Case Base) est constituée après avoir appliqué les étapes de prétraitement et de sélection des attributs pertinents sur les ensembles de données. Cette base de cas se compose d'un ensemble structuré de cas, chacun divisé en deux parties distinctes. La première partie, nommée "problème" (pb), comprend un ensemble de k attributs essentiels sélectionnés par l'algorithme Boruta, correspondant aux principaux symptômes de la maladie cardiaque chez un patient. La seconde partie, appelée "solution", correspond à la classe indiquant la présence (représentée par classe = 1) ou l'absence (représentée par classe = 0) de cette maladie. Une base de cas peut être représentée comme suit :

$$base\ de\ cas = \{[Cas]_{i=1\dots n}\} \quad (4.5)$$

Et un cas est défini comme suit :

$$Cas = [(a_1, \dots, a_k), (classe)] \quad (4.6)$$

Où $n = 1,025$ et $k = 11$ dans le cas de l'ensemble de données CHSLB, ou $n = 70,000$ et $k = 9$ dans le cas de l'ensemble de données CardioD, et $a \in [R\ ou\ Catégorique\ ou\ Nominal\ ou\ Binaire]$. Un exemple tiré de la base de cas élaborée à partir des données CHSLB est présenté dans la Figure 4.6.

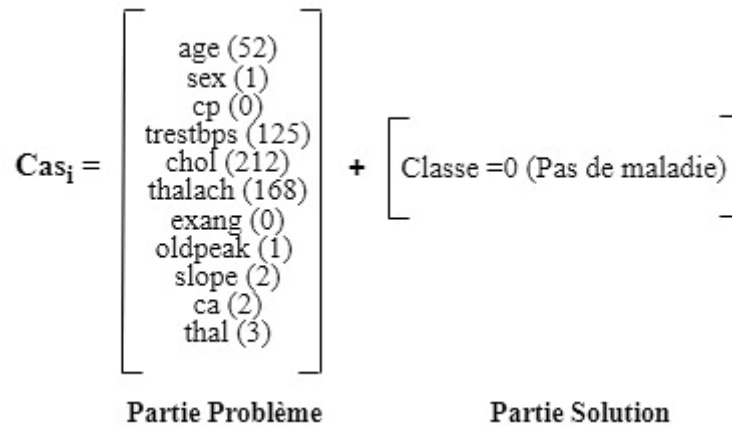


Figure 4.6. Illustration d'un exemple provenant de la base de cas créée à partir CHSLB.

4.2.5 Proposition d'une étape de remémoration basée sur des modèles d'apprentissage profond et automatique

La deuxième phase (Figure 4.7) de notre approche consiste à déterminer la prédiction de maladie cardiaque associée à un nouveau cas, décrit par un ensemble d'attributs, en employant différents types de modèles de ML tels que : SVM (Machine à Vecteurs de Support), RF (Forêts Aléatoires), KNN (K-Plus Proches Voisins), ainsi qu'un modèle de DL tel que le 1D CNN (réseau de neurones convolutif Unidimensionnel), en plus de l'hybridation entre ces modèles (DL-ML). Dans l'hybridation entre les modèles DL et ML, le modèle 1D CNN extrait des caractéristiques, qui sont ensuite passées en entrée aux trois modèles ML pour la prédiction de maladie cardiaque. Les modèles ML et DL exploités sont présentés ci-dessous.

Pour évaluer et tester l'efficacité des modèles utilisés, on applique la méthode de validation croisée k-fold stratifiée (avec $k=10$), qui est une variante de la validation croisée. L'avantage de cette technique par rapport à d'autres techniques utilisant le même type est qu'elle assure une distribution équilibrée des échantillons de chaque classe dans chaque pli, nous permettant d'obtenir une prédiction plus fiable, comparativement à d'autres méthodes qui prennent en compte la distribution aléatoire de l'ensemble de données (Prusty et al., 2022).

Les modèles utilisés sont entraînés en utilisant $k - 1$ sous-ensembles, qui représentent ensemble l'ensemble d'entraînement. Ensuite, ces modèles sont utilisés sur le reste des données, connu sous le nom d'ensemble de test, afin d'évaluer leur performance. Cette procédure est répétée jusqu'à ce que chaque

sous-ensemble parmi les k ait été utilisé comme ensemble de test. La moyenne des performances (Accuracy, Précision, Sensibilité, Mesure-F) obtenues sur les k ensembles de test est calculée selon l'équation (4.7) pour chaque modèle. La solution (prédiction) pour un nouveau cas est alors déterminée par le modèle ayant obtenu l'accuracy maximal parmi les sept modèles testés.

$$\text{Moyenne des Mesures de Performance} = \frac{\sum_{i=1}^k (\text{Mesures de Performance})}{k} \tag{4.7}$$

Où k désigne le nombre de plis (folds) utilisées dans la validation croisée stratifiée, avec k =10 dans notre exemple.

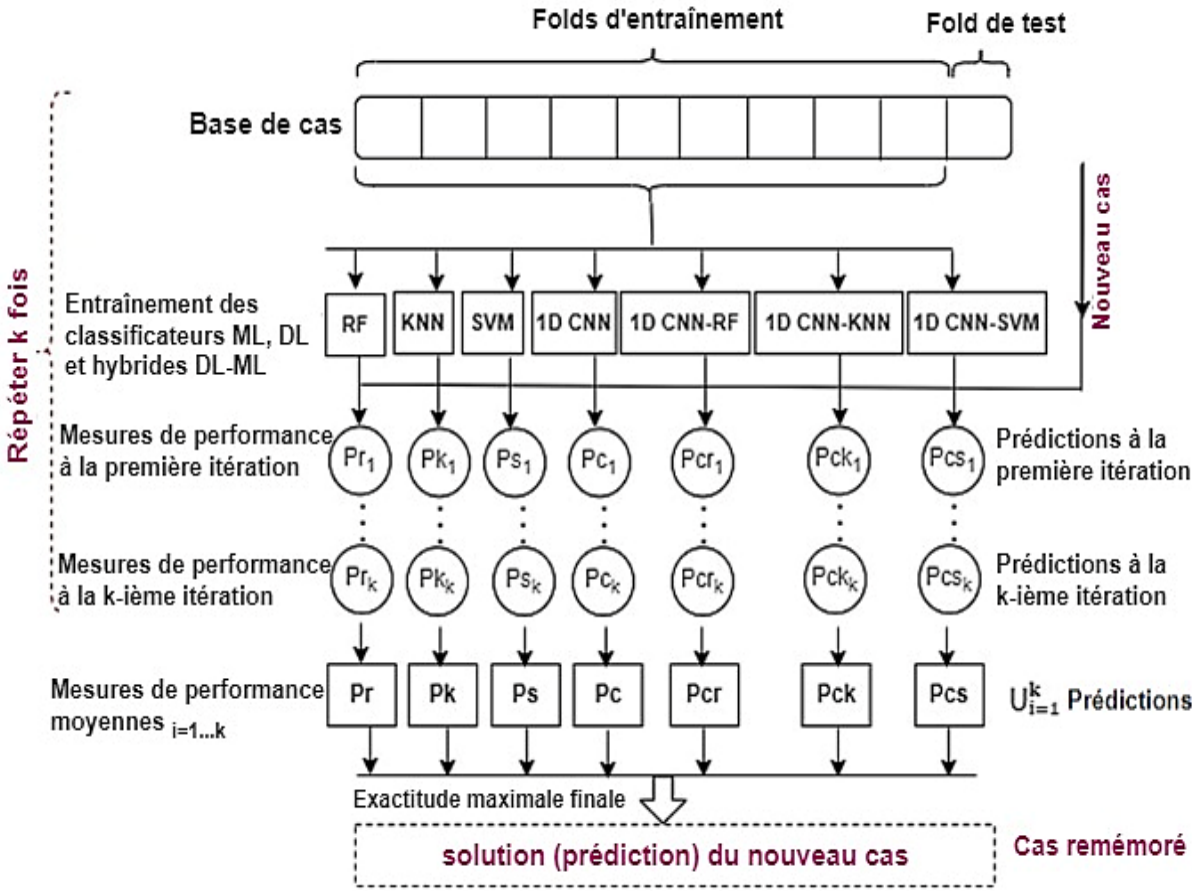


Figure 4.7. Étapes de la phase de remémoration suggérée (Gasmi et al., 2023).

L'Algorithme 4.1 suivant résume les étapes de notre phase de remémoration proposée pour la prédiction de maladie cardiaque.

Algorithme 4.1 : Algorithme suggéré pour la phase de remémoration

Entrées :

Nouveau cas [ensemble d'attributs] ;

Modèles : RF, KNN, SVM, 1D CNN, 1D CNN-RF, 1D CNN-KNN, 1D CNN-SVM ;

BC : Base de cas ;

k=10;

Sortie : Solution pour le nouveau cas ← Prédiction concernant la présence ou l'absence de la maladie cardiaque ;**Début**

1. Si (les modèles n'ont pas été entraînés) alors

2. Charger BC;

3. Diviser BC en $train_{BC}$ et $test_{BC}$ à l'aide d'une technique de validation croisée k-fold stratifiée;4. Former les modèles avec $train_{BC}$;5. Évaluer les modèles avec $test_{BC}$;

6. Enregistrer la prédiction et calculer les mesures de performance (Accuracy, Précision, Sensibilité, F-Mesure);

7. Répéter les étapes 4 et 5 et 6 jusqu'à k itérations;

8. Enregistrer la prédiction moyenne ($Avg_{prd} := \bigcup_{i=1}^k \text{Predictions}$);9. Calculer les mesures de performance moyennes ($Avg_{pm} := \frac{\sum_{i=1}^k (\text{performance measure})}{k}$);10. Sélectionner l'accuracy maximal Max_{acc} obtenu parmi les sept modèles;11. Solution du nouveau cas ← Évaluation de la présence ou de l'absence de maladie cardiaque (la prédiction de l'un des sept modèles où l'accuracy := Max_{acc});**Fin**

4.2.5.1 Réseau de Neurones Convolutif Unidimensionnel (1D CNN)

Les réseaux de neurones convolutifs sont parmi les modèles d'apprentissage profond (DL) les plus répandus. Ils sont capables d'extraire des caractéristiques à partir de données d'entrée en 2D, telles que les images, et en 1D, comme les signaux.

L'architecture proposée du modèle 1D CNN à sept couches est illustrée dans la Figure 4.8. L'ensemble de données d'entrée est convolué en 1D dans la première couche du modèle à l'aide de 64 filtres de taille (3×1). La deuxième couche reçoit les activations issues de la première couche et applique une opération de MaxPooling pour réduire leur dimension, en utilisant une taille de regroupement de (2×1) et un pas de 1. Après les couches de convolution et de pooling, les vecteurs de caractéristiques obtenus sont convertis en un vecteur unidimensionnel. Ce vecteur est ensuite transmis en tant qu'entrée aux trois couches de réseau neuronal entièrement connectées. Une couche de dropout est également utilisée (avec une valeur de 0,5) pour surmonter le surapprentissage.

À la fin du modèle proposé, une fonction d'activation sigmoïde est utilisée pour la prédiction de catégorie des données d'entrée. Les hyperparamètres du modèle 1D CNN sont détaillés dans le Tableau 4.4 ci-dessous.

Tableau 4.4. Hyperparamètres du modèle 1D CNN proposé.

Hyperparamètres	Valeur
Fonction d'activation	Relu/Sigmoid
Optimiseur	Adam
Taux d'apprentissage	0.0025
Taille du lot	64
Époques	50
Fonction de perte	Binary_crossentropy

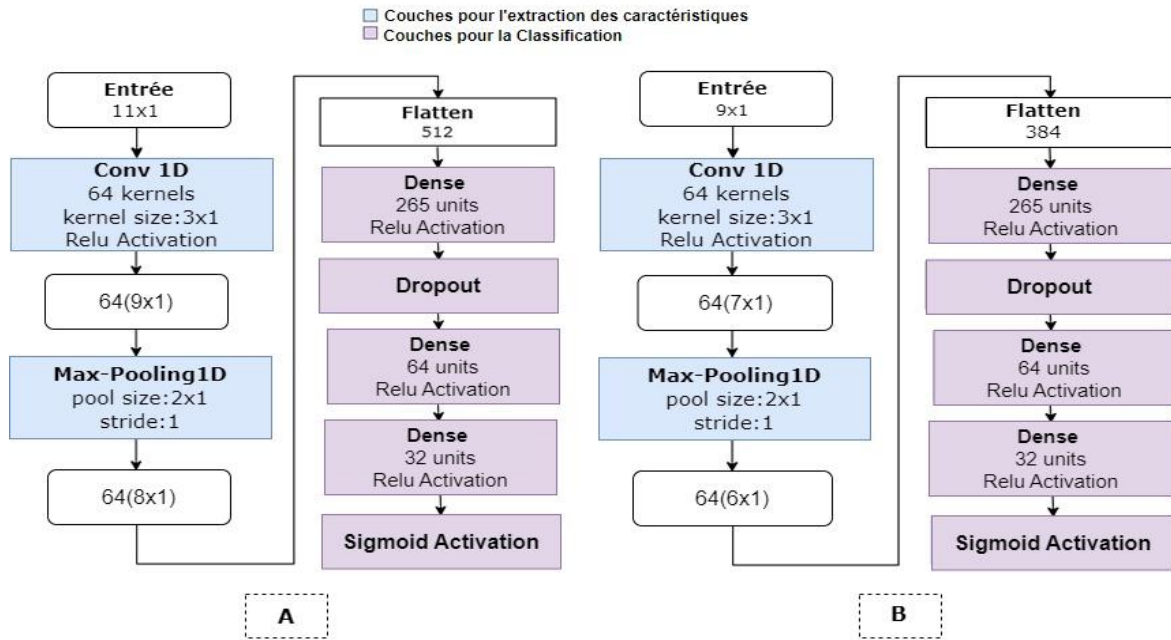


Figure 4.8. Diagrammes illustratifs de l'architecture suggérée du modèle 1D CNN pour les ensembles de données CHSLB (A) et CardioD (B) (Gasmi et al., 2023).

4.2.5.2 Machine à Vecteurs de Support (SVM)

Pour les tâches de classification et de régression binaire, les machines à vecteurs de support (SVM) sont des techniques d'apprentissage supervisé couramment employées (Kumar & Gopal, 2009). L'objectif des SVM est de définir la frontière ou la ligne de décision optimale dans un espace n-dimensionnel, de manière à ce que les nouveaux points de données puissent être rapidement classés dans la catégorie correcte.

Pour réaliser la classification, les SVM établissent un hyperplan qui sépare les échantillons d'une classe de ceux d'une autre classe. Pour une séparation maximale entre les deux classes, l'hyperplan est optimisé. Les machines à vecteurs de support se classifient principalement en deux catégories : les SVM linéaires et les SVM à noyau (non linéaires) (Zhou et al., 2022). Dans le cas des SVM linéaires, l'hyperplan optimal H (équation (4.8)) est déterminé en utilisant les deux hyperplans supplémentaires H_l et H_r (équations (4.9) et (4.10)).

$$H: w^T x + b = 0 \quad (4.8)$$

Où x représente les données d'entrée, tandis que w désigne le vecteur de poids orthogonal à l'hyperplan de décision, le scalaire b représente le biais, T désigne l'opérateur de transposition, et y indique la classe (avec +1 pour la classe positive et -1 pour la classe négative).

$$H_l: w^T x_i + b \geq 1, \text{ where } y_i = +1 \quad (4.9)$$

$$H_r: w^T x_i + b \leq -1, \text{ where } y_i = -1 \quad (4.10)$$

La distance entre ces deux hyperplans, appelée marge M (équation 4.11), doit être maximisée pour bien séparer les classes, et ceci est réalisé en résolvant ce problème (équation 4.12) :

$$M = \frac{2}{\|w\|} \quad (4.11)$$

$$\min_{w,b} \frac{\|w\|}{2} + c \sum_{i=1}^l \epsilon_i \quad (4.12)$$

Sous les contraintes, $y_i(w^T x_i + b) \geq (1 - \epsilon_i)$, $\epsilon_i \geq 0, i = 1, 2, \dots, l$

Où ϵ représente le paramètre de tolérance (ou slack) et c désigne le paramètre de pénalité. Dans le contexte d'une SVM non linéaire, une fonction noyau K est incorporée pour séparer efficacement les données non linéaires. La fonction de décision optimale est exprimée dans l'équation (4.13).

$$f(x_i) = \text{sign}(\sum_{i=1}^l y_i \alpha_i K(x, x_i) + b) \quad (4.13)$$

$$K(x, x_i) = \exp\left(-\frac{\|x_i - x\|^2}{2\sigma^2}\right) \quad (4.14)$$

Dans notre approche, la fonction de base radiale (équation 4.14) est utilisée en tant que fonction noyau dans le classifieur SVM, avec un paramètre de tolérance fixé à 0,001.

4.2.5.3 Forêt Aléatoire (RF)

Développée par Leo Breiman en 2001 (Breiman, 2001), la forêt aléatoire (RF) est devenue un outil clé dans l'apprentissage automatique, offrant une grande flexibilité pour aborder les problèmes de classification et de régression (Bendib et al., 2015). RF se distingue par son caractère adaptatif aux données et son utilisation d'ensembles d'arbres de décision, constituant ainsi une approche d'apprentissage en ensemble.

Concrètement, une forêt aléatoire est constituée de N arbres de décision, chacun étant formé à partir d'un échantillon bootstrap extrait du jeu de données initial. Chaque arbre fournit une classification pour les données d'entrée. L'algorithme agrège ensuite ces classifications individuelles pour produire une prédiction finale basée sur un vote majoritaire, tel que formulé ci-dessous (équation 4.15) :

$$P_c(x) = \text{vote majoritaire}\{classe(x)_{i=1..N}\} \quad (4.15)$$

Le processus de création des arbres de décision dans une forêt aléatoire s'appuie sur la division des nœuds en fonction de mesures de séparation, comme l'entropie ou l'indice de Gini, appliqués à un ensemble restreint de caractéristiques pertinentes (Tariq et al., 2023). Dans notre approche, nous avons choisi de construire un modèle RF composé de 50 arbres de décision, chacun étant entraîné sur un échantillon bootstrap distinct. Les caractéristiques ont été sélectionnées et les nœuds divisés en se basant sur l'indice de Gini (voir équation 4.16), dans le but de maximiser la pureté des partitions et d'optimiser la performance du modèle.

$$gini = 1 - \sum_{i=1}^c p(i)^2 \quad (4.16)$$

Dans cette équation, c représente le nombre de classes dans l'attribut cible, telles que "maladie" et "pas de maladie", tandis que $p(i)$ désigne le rapport de la classe i par rapport au nombre total d'observations dans un nœud spécifique.

4.2.5.4 K-Plus Proches Voisins (KNN)

La technique des k-plus proches voisins (KNN) (Aci et al., 2010) a été proposée pour la première fois en 1967 comme une technique de décision visant à attribuer la classification du voisin le plus proche parmi une collection de cas préalablement classés à un échantillon non classé. Cette méthode, appréciée pour sa simplicité, est couramment employée en reconnaissance de formes en raison de son aptitude à réaliser des classifications efficaces. Son fonctionnement repose sur la mesure de la distance entre deux cas, évaluant ainsi leur similarité. Un nouveau cas est classé par KNN en fonction de sa proximité avec ses voisins. Après avoir identifié k cas (défini par l'utilisateur) dans l'ensemble d'entraînement, la classification d'un nouveau cas est généralement déterminée par la majorité de ses voisins (Li et al., 2022). En conséquence, l'algorithme de classification détermine la classe à laquelle appartient la nouvelle instance.

Dans notre méthode, nous avons adopté la distance de Minkowski (équation 4.17) comme mesure dans l'algorithme des k-plus proches voisins, en choisissant $k=3$. Lorsque $p = 2$, la distance de Minkowski devient équivalente à la distance euclidienne (équation 4.18), ce qui est une pratique courante dans de nombreux cas d'application.

$$d_M = (\sum_{i=1}^n |x_i - y_i|^p)^{1/p} \quad (4.17)$$

$$d_E = (\sum_{i=1}^n |x_i - y_i|^2)^{1/2} \quad (4.18)$$

Ici, $x = \{x_1, \dots, x_n\}$ et $y = \{y_1, \dots, y_n\}$ représentent deux points, et n est le nombre d'attributs.

4.2.6 Proposition d'une phase d'adaptation pour guider l'étape de remémoration

L'adaptation est une étape essentielle à intégrer dans un système de raisonnement à partir de cas, étant spécifique au domaine d'application concerné.

Dans l'approche que nous proposons, le cycle de raisonnement à partir de cas commence par la phase de remémoration face à un nouveau problème (un cas diagnostique sans prédiction). Le résultat obtenu par la phase de remémoration peut prendre l'une des deux alternatives, selon la mesure d'adaptation exprimée dans l'équation (4.19) :

- (1) La phase de remémoration prédit une solution fiable et identique au nouveau problème (selon leur ensemble d'attributs). Ainsi, le cycle RàPC ne comprend pas de phase de réutilisation et se conclut avec le produit de l'étape de remémoration.
- (2) L'étape de remémoration anticipe une solution qui diffère du nouveau problème, c'est-à-dire que la classe ne correspond pas à l'ensemble de caractéristiques. Par conséquent, le cycle RàPC se

poursuit avec l'étape d'adaptation, durant laquelle la solution est modifiée en appliquant les règles d'adaptation.

4.2.6.1 Mesure d'adaptation suggérée

La mesure d'adaptation R (équation 4.19) vise à vérifier si la solution du cas cible C générée par la phase de remémoration est efficace ou non. Autrement dit, elle détermine si cette solution nécessite une adaptation ou non. Cette vérification est effectuée en testant les conditions suivantes : Si le nombre de valeurs d'attributs du cas cible, noté N_{ANC} , est supérieur ou égal à la moitié des seuils des symptômes principaux, noté N_{MS} , et que $C = \text{"maladie"}$, ou bien si N_{ANC} est strictement inférieur à la moitié de N_{MS} et que $C = \text{"pas de maladie"}$, alors aucune adaptation n'est nécessaire. Dans ce cas, la réponse sera simplement la solution remémorée.

$$R(N_{ANC}, N_{MS}) = (((N_{ANC} \geq \frac{N_{MS}}{2}) \wedge (C = 1)) \vee ((N_{ANC} < \frac{N_{MS}}{2}) \wedge (C = 0))) \quad (4.19)$$

En revanche, si N_{ANC} est strictement inférieur à la moitié de N_{MS} et que $C = \text{"maladie"}$, ou si N_{ANC} est supérieur ou égal à la moitié de N_{MS} et que $C = \text{"pas de maladie"}$, alors l'adaptation sera appliquée via l'algorithme 4.2, et la solution finale sera celle suggérée par les règles d'adaptation.

Algorithme 4.2 : Algorithme d'adaptation suggéré

Entrées:

C : Solution récupérée

BRA : Base de règles d'adaptation

N : Nombre de règles dans la BRA

i : N° d'une règle d'adaptation dans la BRA

SR : Solution remémorée modifiée par la règle d'adaptation

Sortie : Solution confirmée du nouveau cas cible

Début

Pour i=1 à N faire

Si (RBA[i]==faux) **alors** pas d'adaptation

 Solution confirmée du nouveau cas cible = C

Sinon

 Solution confirmée du nouveau cas cible = SR

Fin

Comment construisons-nous les règles d'adaptation ?

À partir des symptômes principaux attribués par un cardiologue expert indiquant une maladie cardiaque chez un patient, un ensemble de règles d'adaptation a été déduit. Ces règles d'adaptation étaient constituées de diverses combinaisons des symptômes principaux, s'appuyant sur trois symptômes principaux pour leur élaboration. Ensuite, ces règles d'adaptation sont utilisées pour adapter la solution remémorée C du cas cible. En effet, seule une règle d'adaptation doit être validée pour que l'adaptation soit appliquée. Les principaux symptômes ainsi que les recommandations d'adaptation, tirés des ensembles de données CHSLB et CardioD, sont illustrés dans les figures 4.9 et 4.10.

Symptômes majeurs	Règles d'adaptation
cp=0/1, trestbps>140, chol>125, thalach>90, exang=1	si (cp=0/1 et trestbps>140 et chol>125 et C=0) alors C=1 si (cp=0/1 et trestbps>140 et thalach>90 et C=0) alors C=1 si (cp=0/1 et trestbps>140 et exang=1 et C=0) alors C=1 si (cp=0/1 et chol>125 et thalach>90 et C=0) alors C=1 si (cp=0/1 et chol>125 et exang=1 et C=0) alors C=1 si (cp=0/1 et thalach>90 et exang=1 et C=0) alors C=1 si (trestbps>140 et thalach>90 et chol>125 et C=0) alors C=1 si (trestbps>140 et chol>125 et exang=1 et C=0) alors C=1 si (trestbps>140 et thalach>90 et exang=1 et C=0) alors C=1 si (chol>125 et exang=1 et thalach>90 et C=0) alors C=1 si (cp=2/3 et trestbps<140 et chol<125 et C=1) alors C= la solution correspondante dans le diagnostic réel si (cp=2/3 et trestbps<140 et thalach<90 et C=1) alors C= la solution correspondante dans le diagnostic réel si (cp=2/3 et trestbps<140 et exang=0 et C=1) alors C= la solution correspondante dans le diagnostic réel si (cp=2/3 et chol<125 et thalach<90 et C=1) alors C= la solution correspondante dans le diagnostic réel si (cp=2/3 et chol<125 et exang=0 et C=1) alors C= la solution correspondante dans le diagnostic réel si (cp=2/3 et thalach<90 et exang=0 et C=1) alors C= la solution correspondante dans le diagnostic réel si (trestbps<140 et thalach<90 et chol<125 et C=1) alors C= la solution correspondante dans le diagnostic réel si (trestbps<140 et chol<125 et exang=0 et C=1) alors C= la solution correspondante dans le diagnostic réel si (trestbps<140 et thalach<90 et exang=0 et C=1) alors C= la solution correspondante dans le diagnostic réel si (chol<125 et thalach<90 et exang=0 et C=1) alors C= la solution correspondante dans le diagnostic réel

Figure 4.9. Symptômes principaux et règles d'adaptation déduits de l'ensemble de données CHSLB.

Symptômes majeurs	Règles d'adaptation
ap_hi>140, ap_lo>90, cholesterol=2/3, gluc=2/3, bmi>25	si (ap_hi>140 et ap_lo>90 et cholesterol=2/3 et C=0) alors C=1 si (ap_hi>140 et ap_lo>90 et gluc=2/3 et C=0) alors C=1 si (ap_hi>140 et ap_lo>90 et bmi>25 et C=0) alors C=1 si (ap_hi>140 et cholesterol=2/3 et gluc=2/3 et C=0) alors C=1 si (ap_hi>140 et cholesterol=2/3 et bmi>25 et C=0) alors C=1 si (ap_hi>140 et gluc=2/3 et bmi>25 et C=0) alors C=1 si (ap_lo>90 et cholesterol=2/3 et gluc=2/3 et C=0) alors C=1 si (ap_lo>90 et cholesterol=2/3 et bmi>25 et C=0) alors C=1 si (ap_lo>140 et gluc=2/3 et bmi>25 et C=0) alors C=1 si (cholesterol=2/3 et gluc=2/3 et bmi>25 et C=0) alors C=1 si (ap_hi<140 et ap_lo<90 et cholesterol=1 et C=1) alors C= la solution correspondante dans le diagnostic réel si (ap_hi<140 et ap_lo<90 et gluc=1 et C=1) alors C= la solution correspondante dans le diagnostic réel si (ap_hi<140 et ap_lo<90 et bmi<25 et C=1) alors C= la solution correspondante dans le diagnostic réel si (ap_hi<140 et cholesterol=1 et gluc=1 et C=1) alors C= la solution correspondante dans le diagnostic réel si (ap_hi<140 et cholesterol=1 et bmi<25 et C=1) alors C= la solution correspondante dans le diagnostic réel si (ap_hi<140 et gluc=1 et bmi<25 et C=1) alors C= la solution correspondante dans le diagnostic réel si (ap_lo<90 et cholesterol=1 et gluc=1 et C=1) alors C= la solution correspondante dans le diagnostic réel si (ap_lo>90 et cholesterol=2/3 et bmi>25 et C=0) alors C= la solution correspondante dans le diagnostic réel si (ap_lo>140 et gluc=2/3 et bmi>25 et C=0) alors C= la solution correspondante dans le diagnostic réel si (cholesterol=2/3 et gluc=2/3 et bmi>25 et C=0) alors C= la solution correspondante dans le diagnostic réel

Figure 4.10. Symptômes principaux et règles d'adaptation déduits à partir CardioD.

4.3 Résultats

Nous avons implémenté les phases de remémoration et d'adaptation proposées du cycle RàPC afin de prédire avec une grande précision l'existence de maladies cardiaques. Notre approche repose sur une combinaison de divers modèles ML (Machine Learning), DL (Deep Learning) ainsi que sur leur hybridation. De plus, nous avons exploité une technique de sélection de caractéristiques hautement efficace et intégré un ensemble de règles d'adaptation générées en collaboration avec un cardiologue expert.

Nous avons d'abord élaboré des bases de cas prétraitées à partir des données cardiaques. Par la suite, nous avons entraîné et validé les modèles en utilisant ces bases de cas prétraitées. Les performances lors des phases de remémoration et d'adaptation ont été examinées en fonction d'accuracy, de précision, de sensibilité et de F- mesure.

$$Accuracy = \left(\frac{\text{Nombre de prédictions correctes}}{\text{Nombre total de prédictions}} \right) \times 100 \quad (4.20)$$

Où, l'accuracy (Acc) est un paramètre de performance qui évalue la capacité du modèle à prédire avec précision.

$$Précision = \left(\frac{\text{Vrais positifs}}{\text{Vrais positifs} + \text{Faux positifs}} \right) \times 100 \quad (4.21)$$

La Précision (Pre) mesure la capacité du modèle à fournir uniquement des solutions correctes ou à éviter les prédictions faussement positives.

$$Sensibilité = \left(\frac{\text{Vrais positifs}}{\text{Vrais positifs} + \text{Faux négatifs}} \right) \times 100 \quad (4.22)$$

La Sensibilité (Sen), également appelée rappel ou taux de vrais positifs, mesure l'efficacité d'un modèle à détecter correctement les cas positifs en prédisant correctement les instances positives.

$$F - \text{Mesure} = 2 \times \left(\frac{\text{Sensibilité} \times \text{Précision}}{\text{Sensibilité} + \text{Précision}} \right) \quad (4.23)$$

La F-mesure (F-Mr) est calculée en prenant la moyenne harmonique de la précision et du rappel.

4.3.1 Résultats de l'étape de remémoration

Les résultats de l'évaluation des performances des modèles employés durant l'étape de remémoration sont illustrés dans les figures suivantes. Chaque figure montre les résultats du test de performance pour l'un des modèles examinés, en utilisant la méthode de validation croisée k-fold stratifiée sur une des bases de cas. De plus, l'impact de l'application de l'algorithme Boruta pour sélectionner les attributs significatifs est également analysé. Il convient de souligner que l'abréviation "WFS" affichée dans les figures signifie "Sans sélection d'attributs", tandis que "FS" représente "Avec sélection d'attributs". Les Tableaux 4.7 et 4.8 synthétisent les résultats moyens des mesures de performance calculées selon l'équation (4.7) pour chaque modèle.

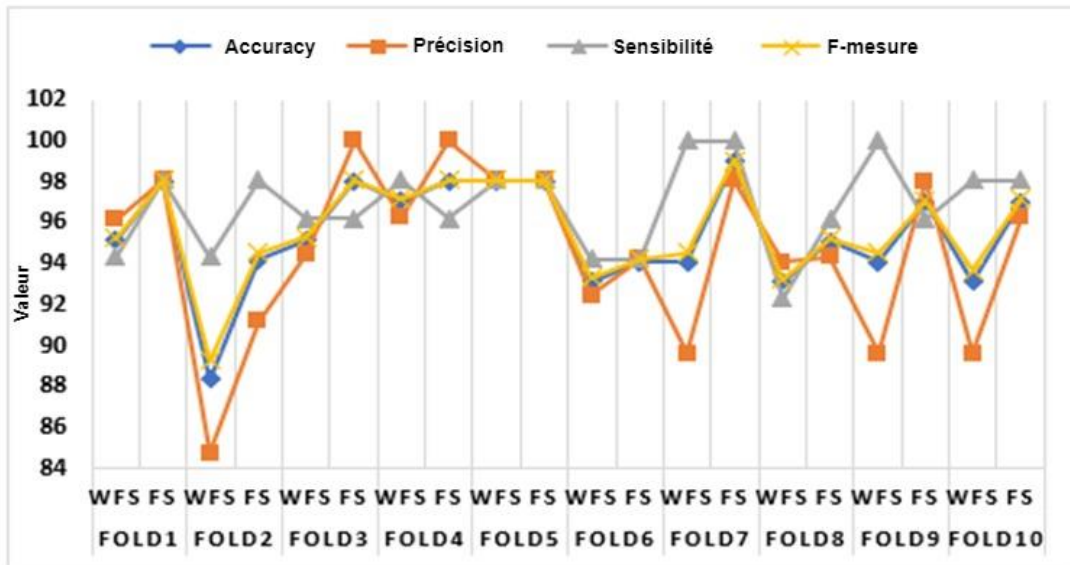


Figure 4.11. Prédications du modèle 1D CNN utilisant la technique de validation croisée 10-fold stratifiée sur la base de cas CHSLB.

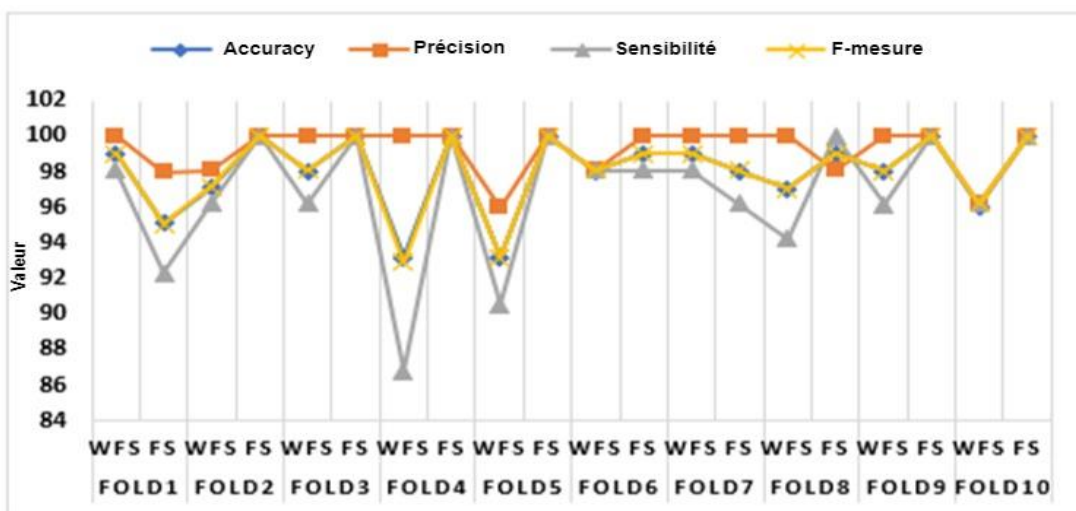


Figure 4.12. Résultats de prédiction du modèle RF utilisant la technique de validation croisée 10-fold stratifiée sur la base de cas CHSLB.

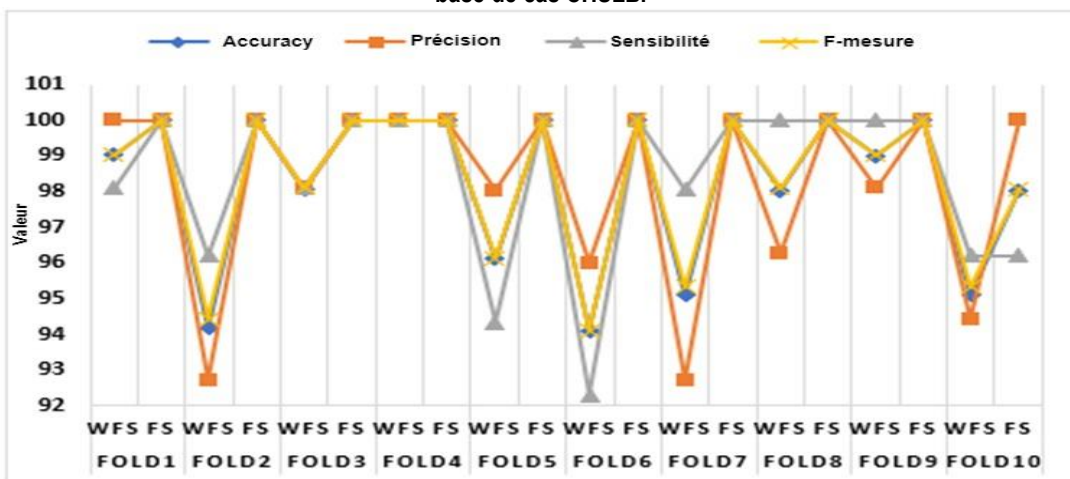


Figure 4.13. Résultats de prédiction du modèle SVM utilisant la technique de validation croisée 10-fold stratifiée sur la base de cas CHSLB.

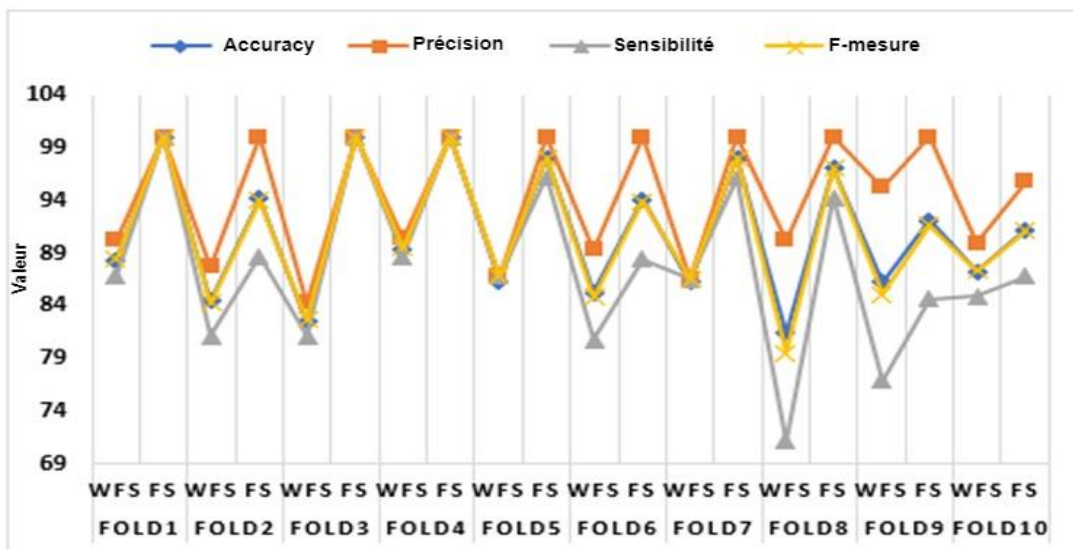


Figure 4.14. Prédications du modèle KNN utilisant la technique de validation croisée 10-fold stratifiée sur CHSLB.

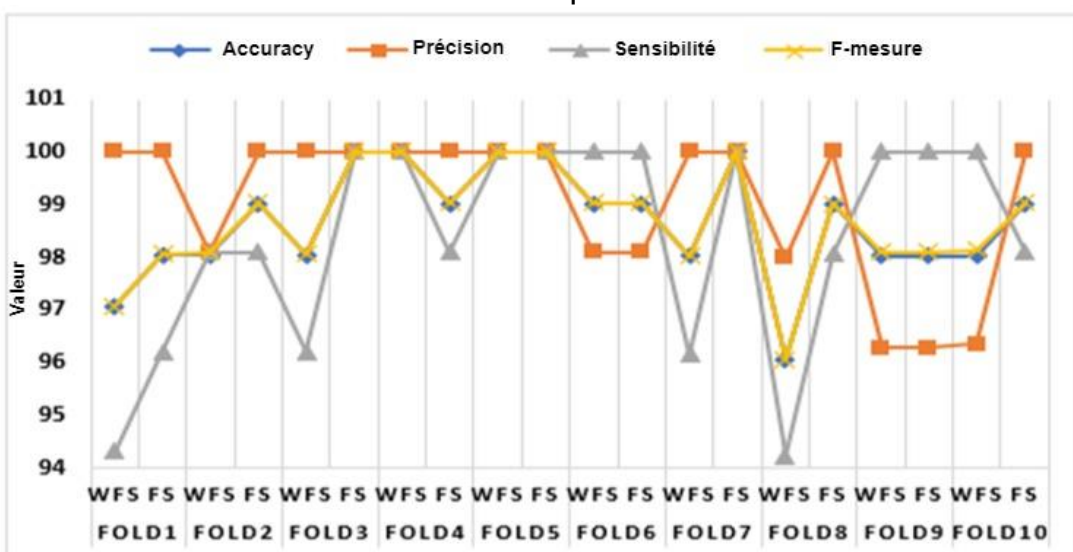


Figure 4.15. Prédications du modèle 1D CNN-RF utilisant la technique de validation croisée 10-fold stratifiée sur la base de cas CHSLB.

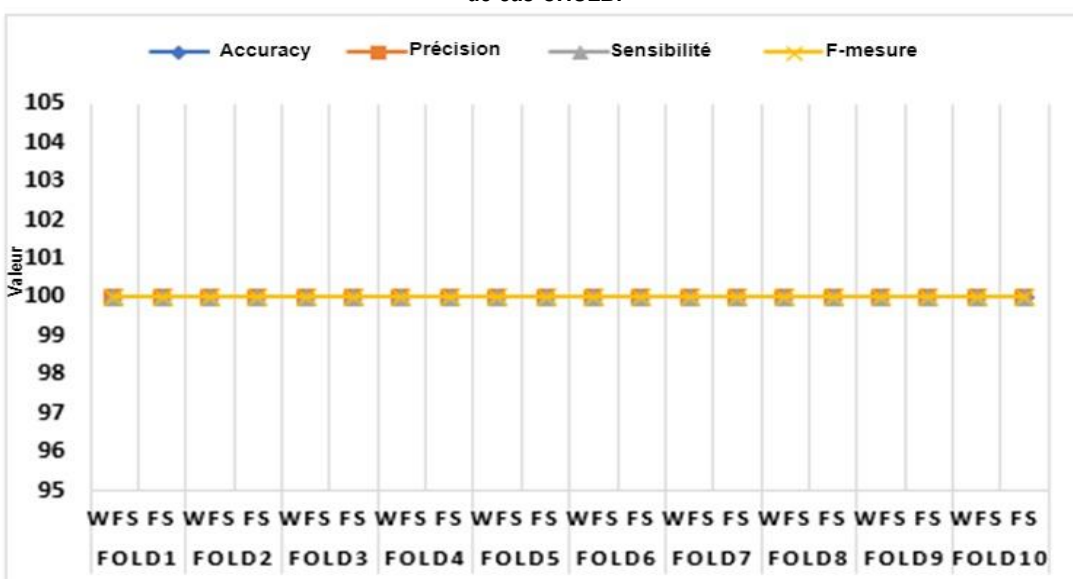


Figure 4.16. Résultats de prédiction du modèle 1D CNN-SVM utilisant la technique de validation croisée 10-fold stratifiée sur la base de cas CHSLB.

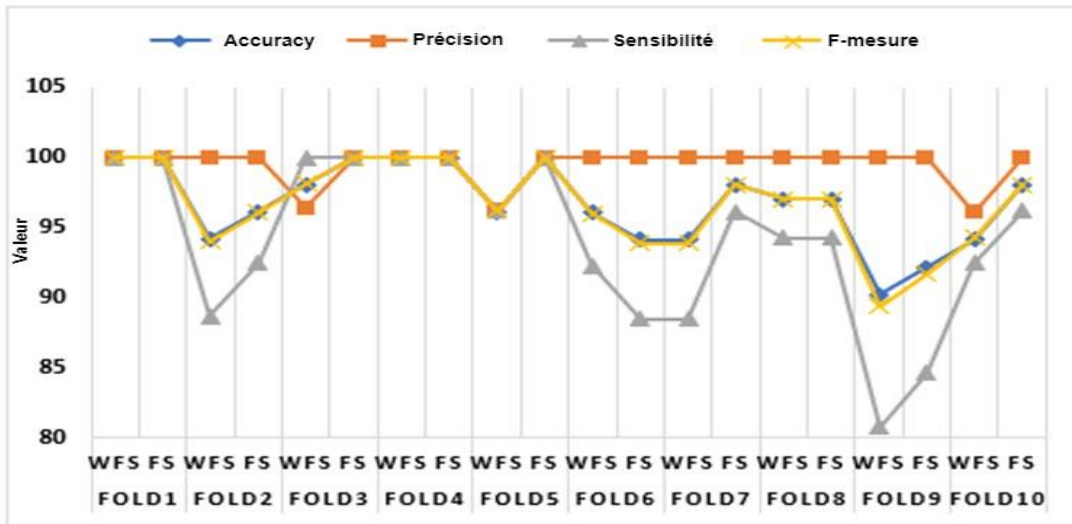


Figure 4.17. Prédiction du modèle 1D CNN-KNN utilisant la technique de validation croisée 10-fold stratifiée sur la base de cas CHSLB.

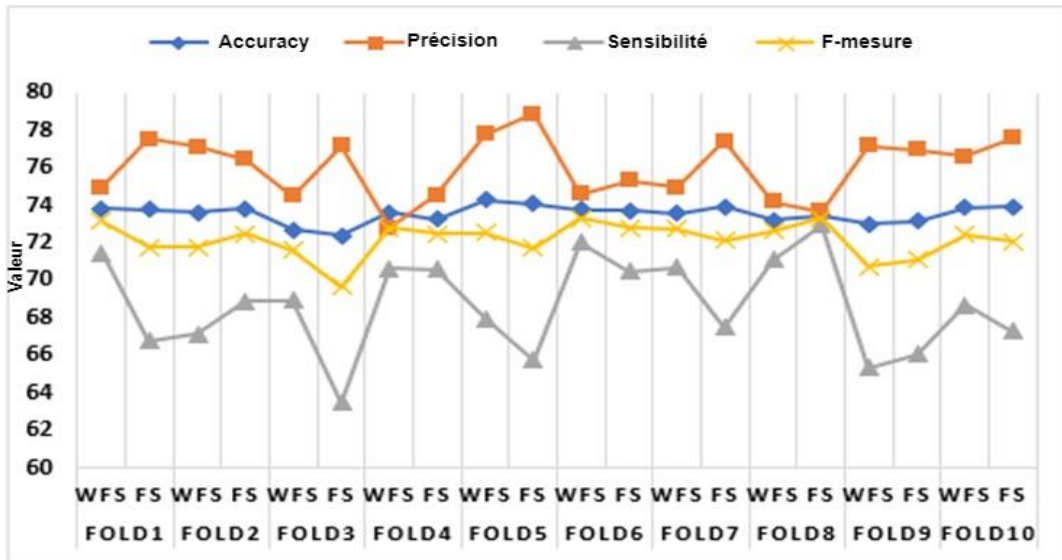


Figure 4.18. Résultats de prédiction du modèle 1D CNN utilisant la technique de validation croisée 10-fold stratifiée sur la base de cas CardioD.

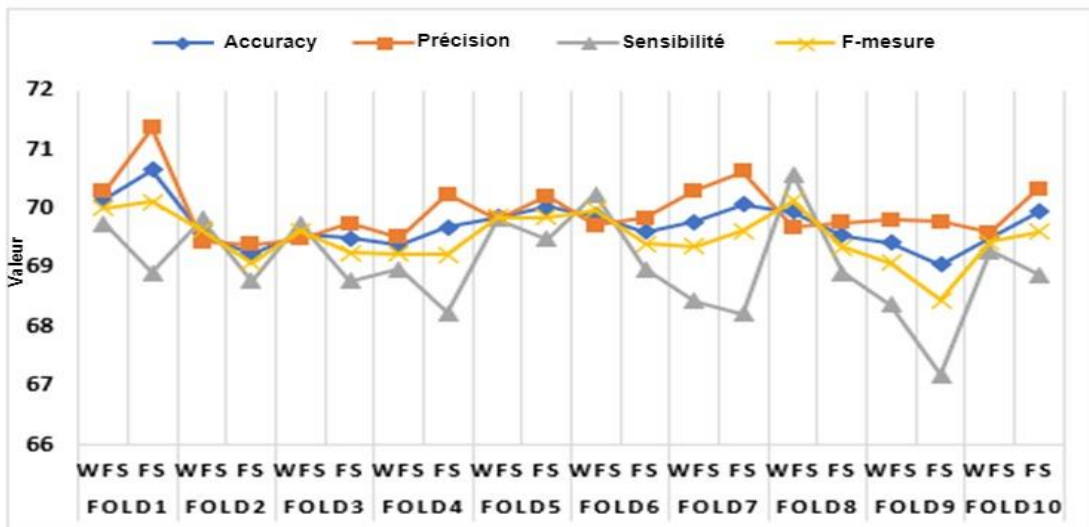


Figure 4.19. Résultats de prédiction du modèle RF utilisant la technique de validation croisée 10-fold stratifiée sur la base de cas CardioD.

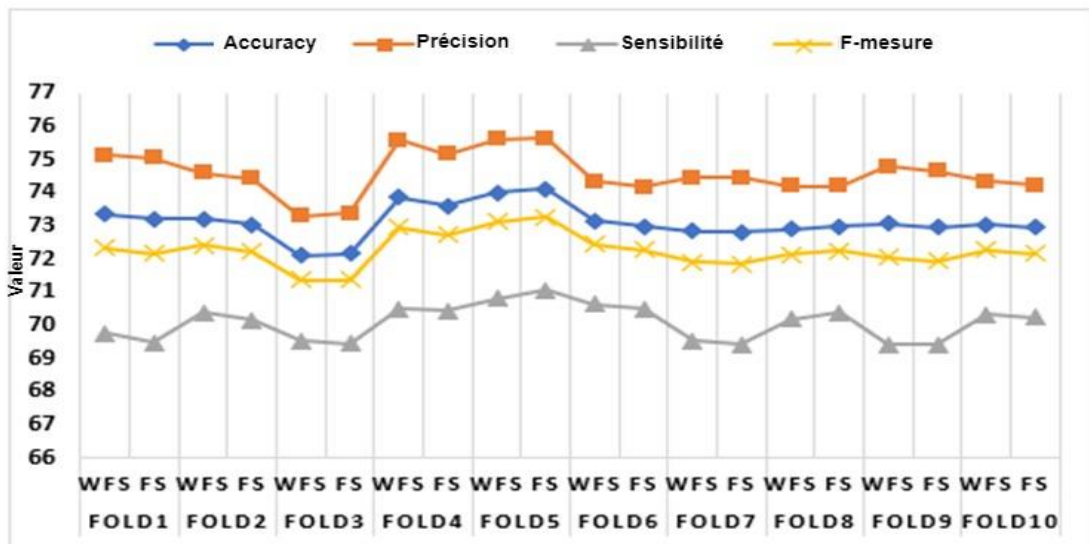


Figure 4.20. Résultats de prédiction du modèle SVM utilisant la technique de validation croisée 10-fold stratifiée sur la base de cas CardioD.

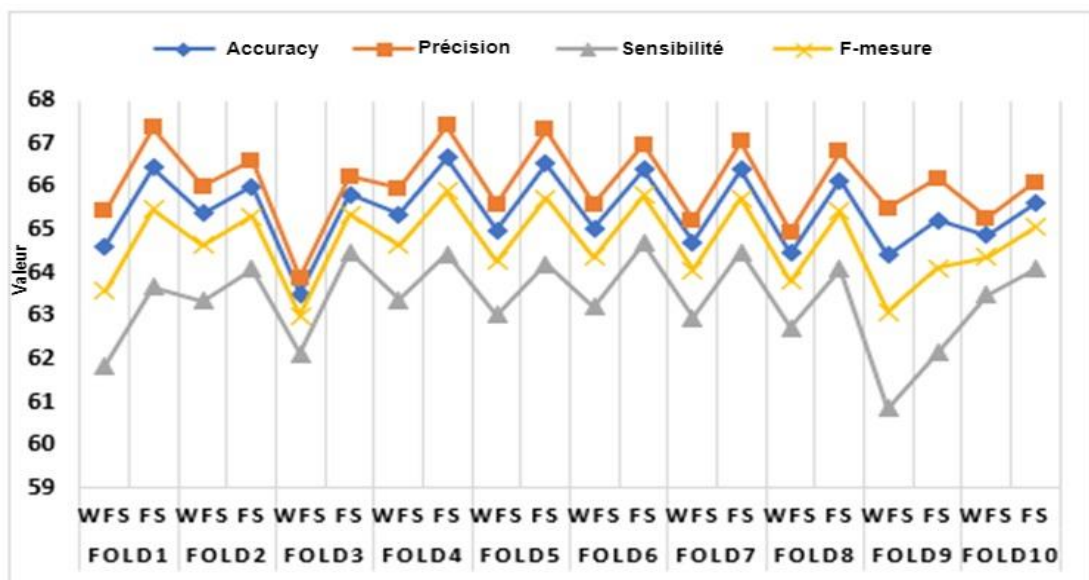


Figure 4.21. Résultats de prédiction du modèle KNN utilisant la technique de validation croisée 10-fold stratifiée sur CardioD.

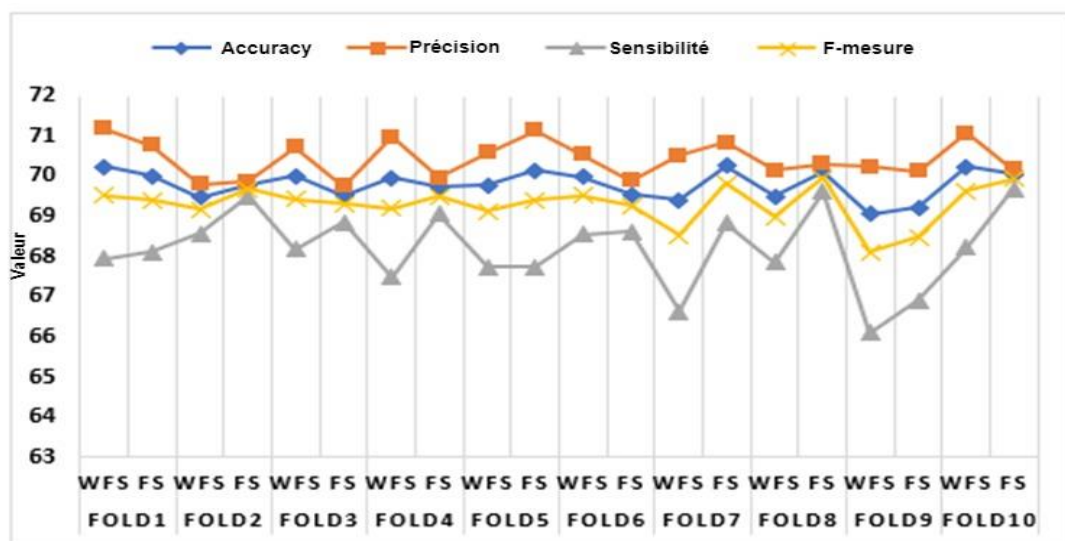


Figure 4.22. Prédiction du modèle 1D CNN-RF utilisant la technique de validation croisée 10-fold stratifiée sur la base de cas CardioD.

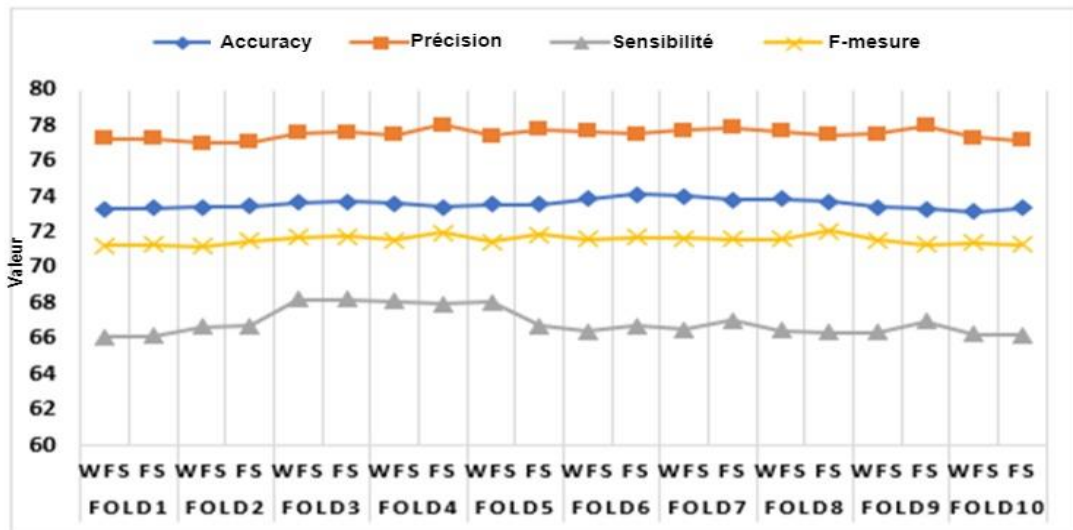


Figure 4.23. Résultats de prédiction du modèle 1D CNN-SVM utilisant la technique de validation croisée 10-fold stratifiée sur CardioD.

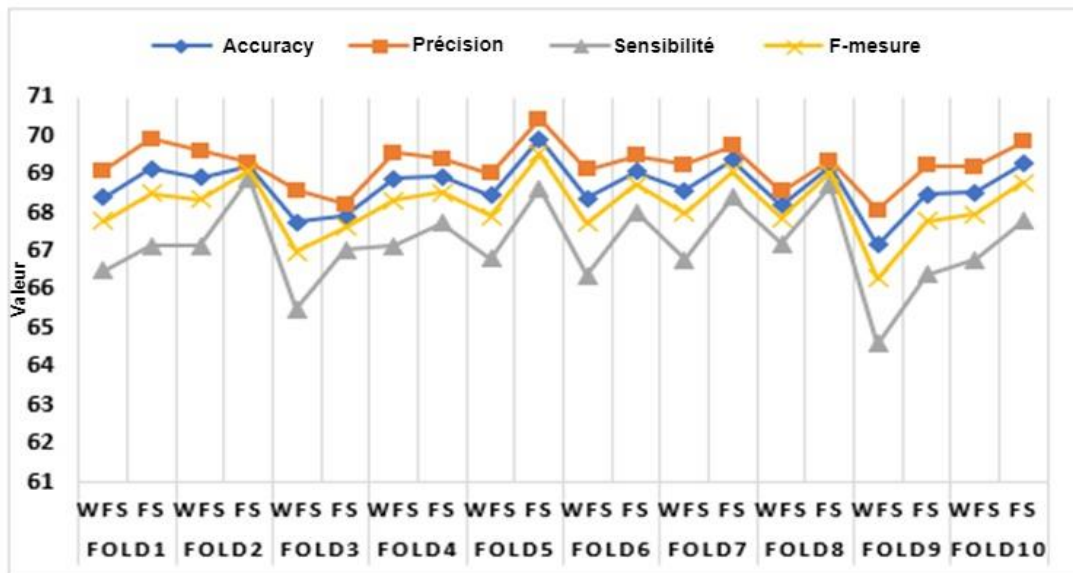


Figure 4.24. Prédiction du modèle 1D CNN-KNN utilisant la technique de validation croisée 10-fold stratifiée sur la base de cas CardioD.

Tableau 4.7. Comparaison des performances moyennes des modèles appliqués à la base de cas CHSLB avec et sans sélection d'attributs lors de la phase de remémoration.

Modèle	WFS technique				FS technique				
	Acc%	Pre%	Sen%	F-Mr%	Acc%	Pre%	Sen%	F-Mr%	
1D CNN	94,14	92,36	96,57	94,42	96,87	96,78	97,14	96,96	
RF	96,87	98,81	95,05	96,89	99,12	99,61	98,66	99,14	
SVM	96,87	96,60	97,33	96,96	99,80	100,0	99,61	99,81	
KNN	85,75	88,93	82,50	85,60	96,48	99,59	93,53	96,47	
1D CNN	RF	98,24	98,65	97,90	98,28	99,12	99,42	98,85	99,14
	SVM	100,0	100,0	100,0	100,0	100,0	100,0	100,0	100,0
	KNN	96,0	98,79	93,34	95,99	97,56	100,0	95,24	97,56

Tableau 4.8. Comparaison des performances moyennes des modèles appliqués à la base de cas CardioD avec et sans sélection d'attributs lors de la phase de remémoration.

Modèle	WFS technique				FS technique				
	Acc%	Pre%	Sen%	F-Mr%	Acc%	Pre%	Sen%	F-Mr%	
1D CNN	73,54	75,64	69,40	72,39	73,55	76,46	67,98	71,97	
RF	69,71	69,76	69,51	69,63	69,73	70,13	68,68	69,40	
SVM	73,15	74,62	70,10	73,15	73,07	74,53	70,05	72,22	
KNN	64,73	65,33	62,69	63,98	66,13	66,80	64,04	65,39	
1D CNN	RF	69,77	70,58	67,73	69,12	69,84	70,28	68,70	69,48
	SVM	73,59	77,46	66,93	71,50	73,58	77,58	66,92	71,65
	KNN	68,33	69,0	66,48	67,72	69,05	69,49	67,87	68,67

En analysant les résultats de notre étude, tels que illustrés dans les Tableaux 4.7 et 4.8 ainsi que dans les figures susmentionnées, nous avons constaté que la phase de remémoration proposée dispose d'un bon accuracy dans la prédiction des maladies cardiaques. Nous observons que l'accuracy et la précision les plus élevées sont obtenues par le modèle hybride 1D CNN-SVM sur les bases de cas CHSLB et CardioD avec respectivement 100 % et 73,59 %.

Le modèle hybride combinant 1D CNN et SVM est suivi par le modèle SVM sur le jeu de données CHSLB, affichant un accuracy de 99,80 %, une précision de 100 %, une sensibilité de 99,61 % et une F-mesure de 99,81 %. Par ailleurs, sur le jeu de données CardioD, le modèle 1D CNN a montré les meilleures performances pour la prédiction des maladies cardiaques, avec un accuracy de 73,55 % et une précision de 76,46 %.

L'impact de la technique Boruta pour la sélection des caractéristiques sur l'amélioration des performances est clairement démontré dans les Figures 4.9 à 4.22. L'application de cette technique a clairement amélioré les performances de prédiction des maladies pour les sept modèles testés sur les deux ensembles de données, comparativement à leurs résultats sans cette technique. Cette amélioration s'explique par la capacité de la méthode Boruta à diminuer efficacement le bruit et les informations redondantes dans les ensembles de données, ce qui conduit à des résultats plus précis et plus efficaces lors de l'étape de prédiction.

4.3.2 Résultats de l'étape d'adaptation

Les résultats obtenus lors de l'étape de remémoration sont ensuite ajustés en évaluant l'applicabilité de la mesure d'adaptation décrite dans la sous-section 4.2.6.1. Les Tableaux 4.9 et 4.10 ainsi que les Figures de 4.25 à 4.37 illustrent l'amélioration fournie par l'algorithme d'adaptation.

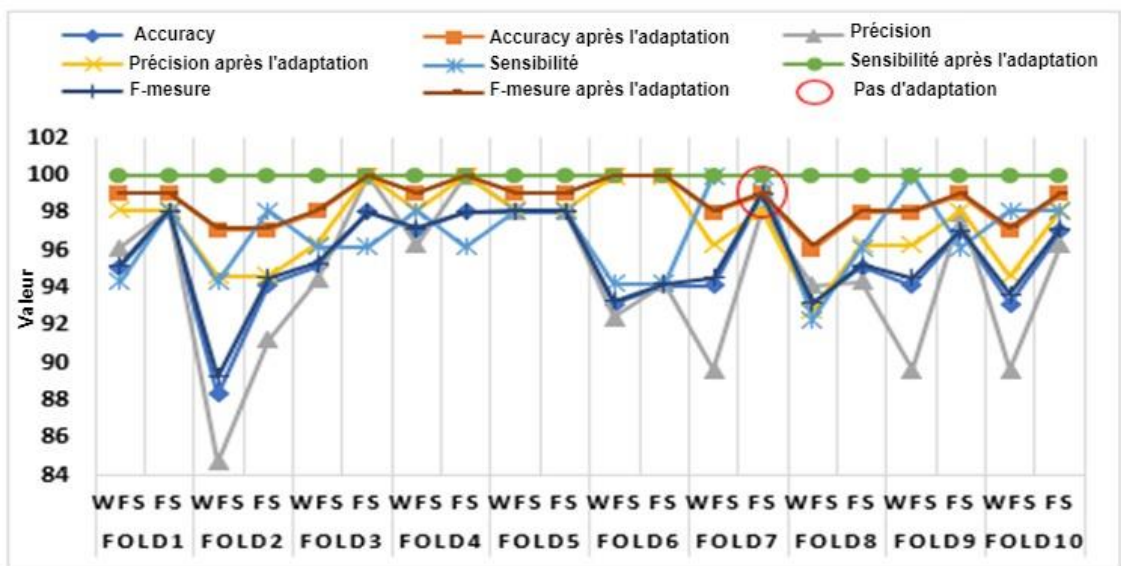


Figure 4.25. Adaptation des prédictions du modèle 1D CNN en appliquant la validation croisée 10-fold stratifiée sur la base de cas CHSLB.

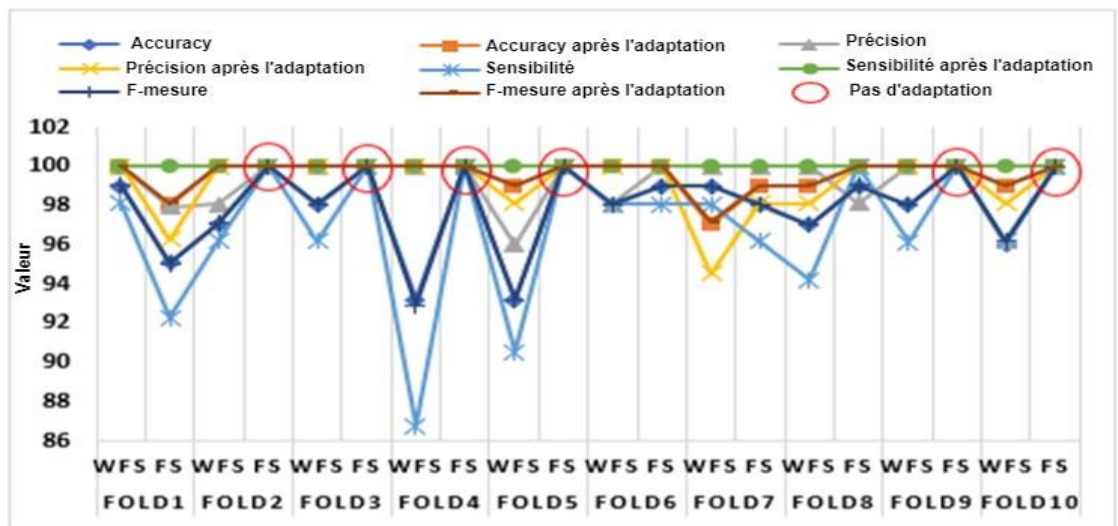


Figure 4.26. Adaptation des résultats de prédiction du modèle RF utilisant la technique de validation croisée 10-fold stratifiée sur la base de cas CHSLB.

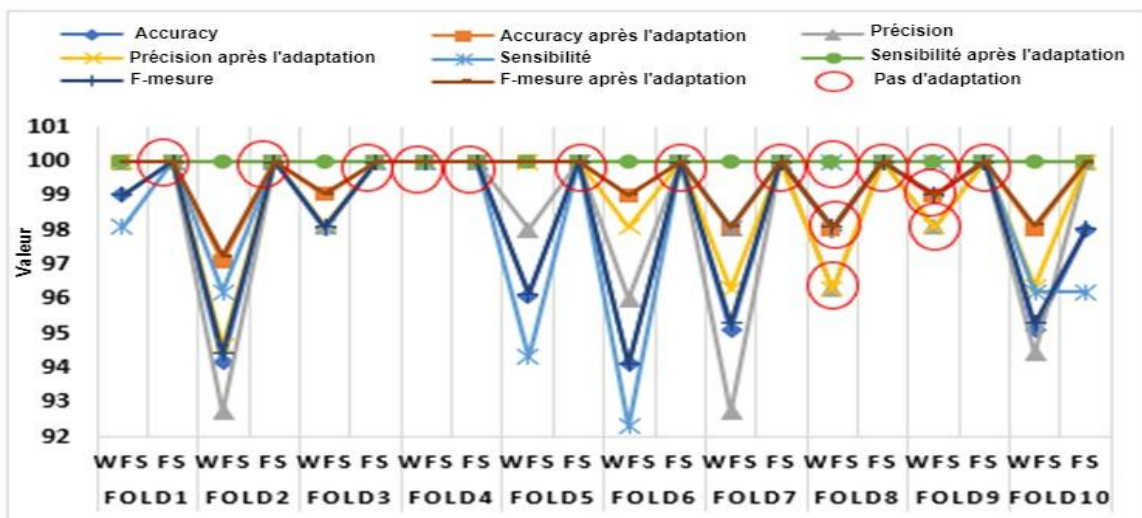


Figure 4.27. Adaptation des résultats de prédiction du modèle SVM utilisant la technique de validation croisée 10-fold stratifiée sur la base de cas CHSLB.

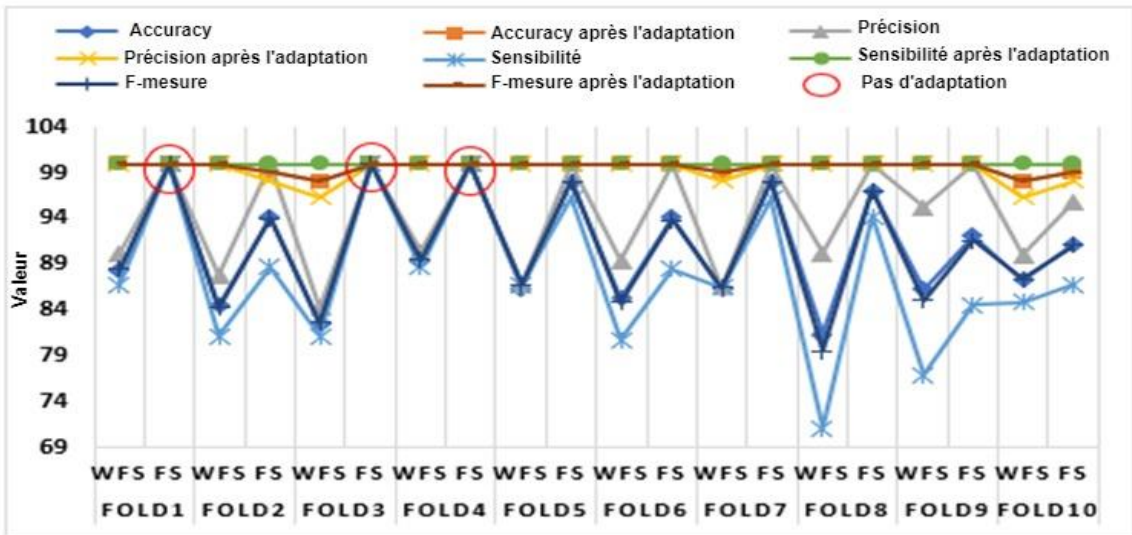


Figure 4.28. Adaptation des prédictions du modèle KNN utilisant la technique de validation croisée 10-fold stratifiée sur la base de cas CHSLB.

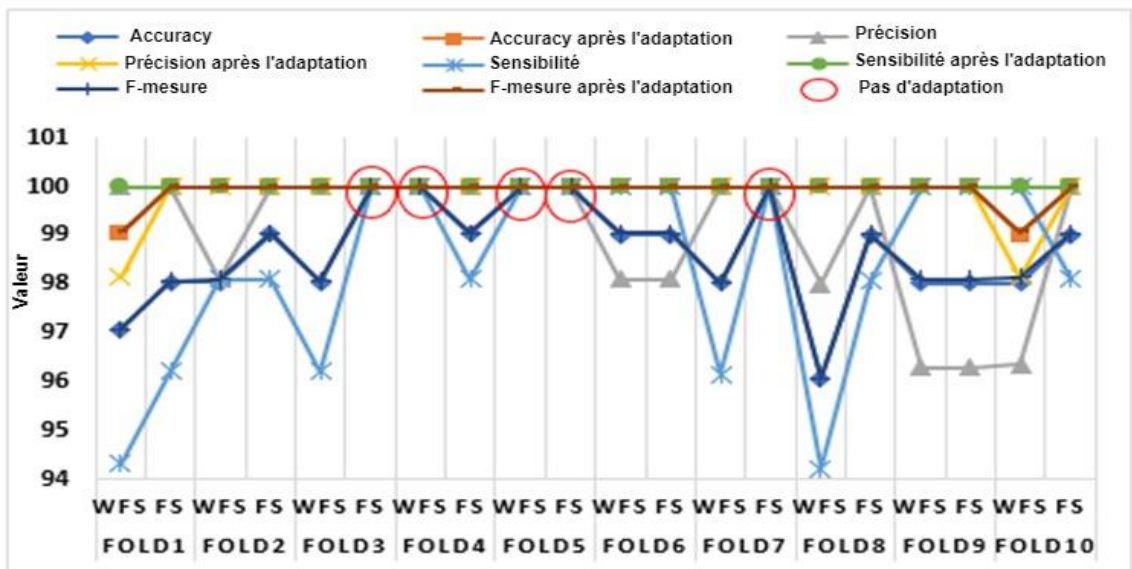


Figure 4.29. Adaptation des résultats de prédiction du modèle 1D CNN-RF utilisant la technique de validation croisée 10-fold stratifiée sur la base de cas CHSLB.

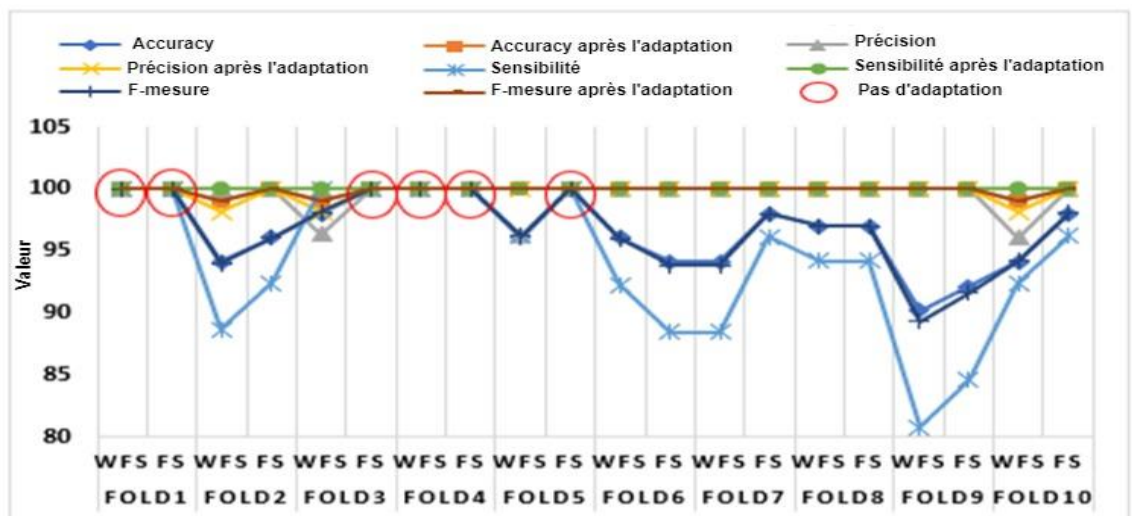


Figure 4.30. Adaptation des prédictions du modèle 1D CNN-KNN en appliquant la validation croisée 10-fold stratifiée sur la base de cas CHSLB.

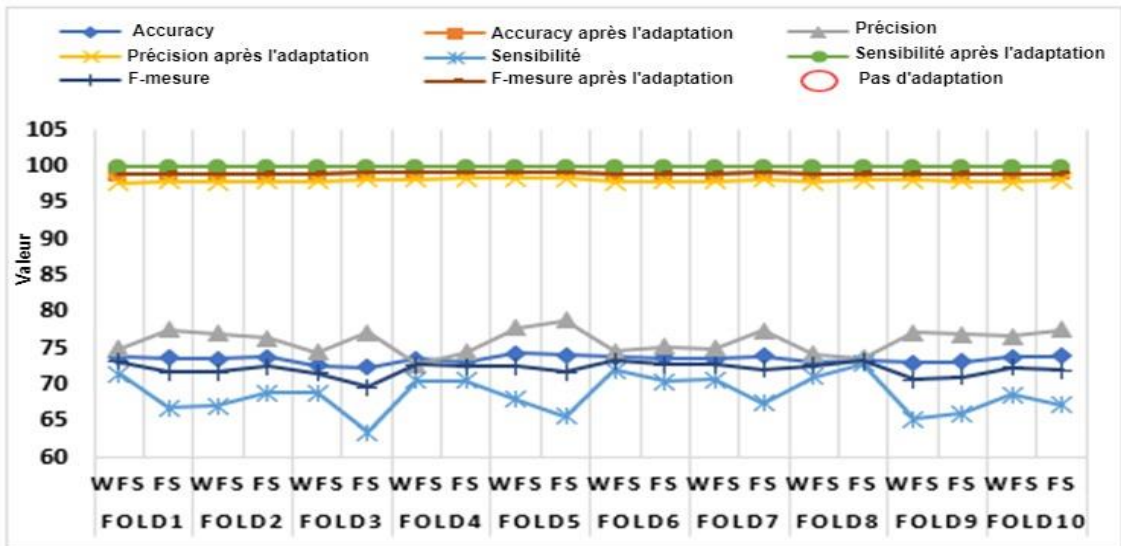


Figure 4.31. Adaptation des prédictions du modèle 1D CNN en appliquant la technique de validation croisée 10-fold stratifiée sur la base de cas CardioD.

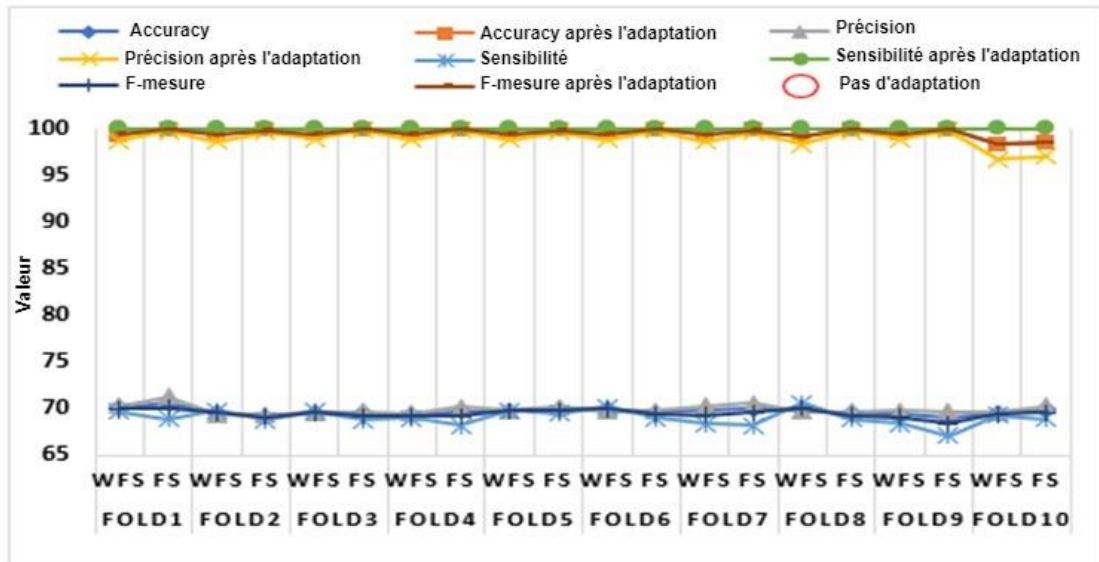


Figure 4.32. Adaptation des prédictions du modèle RF utilisant la technique de validation croisée 10-fold stratifiée sur la base de cas CardioD.

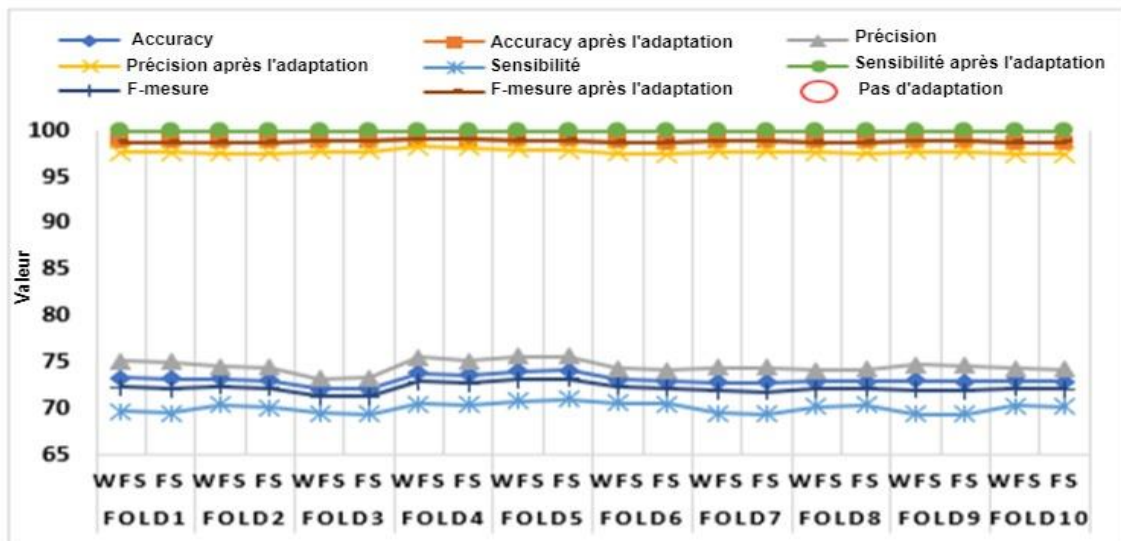


Figure 4.33. Adaptation des résultats de prédiction du modèle SVM utilisant la technique de validation croisée 10-fold stratifiée sur la base de cas CardioD.

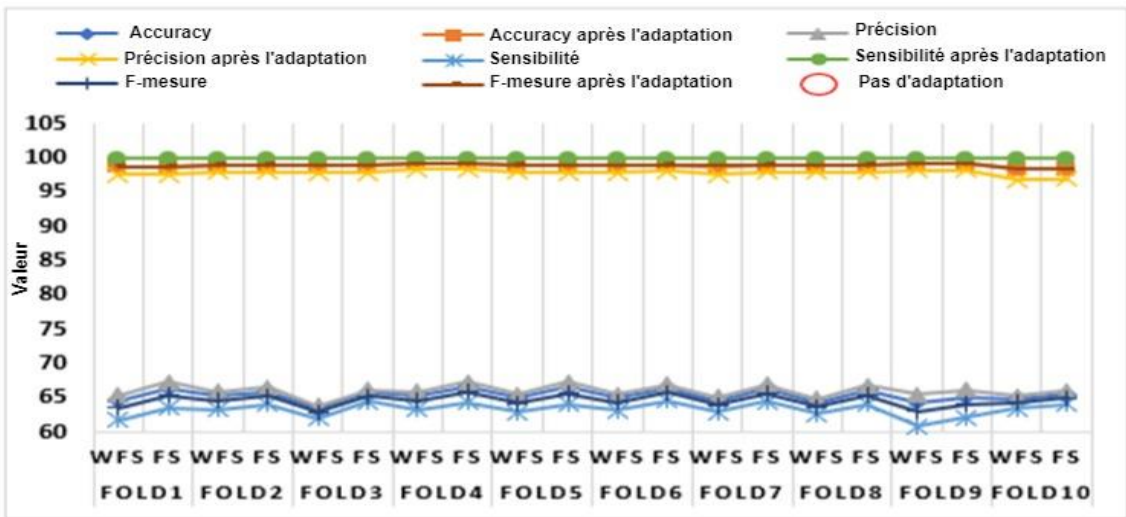


Figure 4.34. Adaptation des prédictions du modèle KNN utilisant la technique de validation croisée 10-fold stratifiée sur la base de cas CardioD.

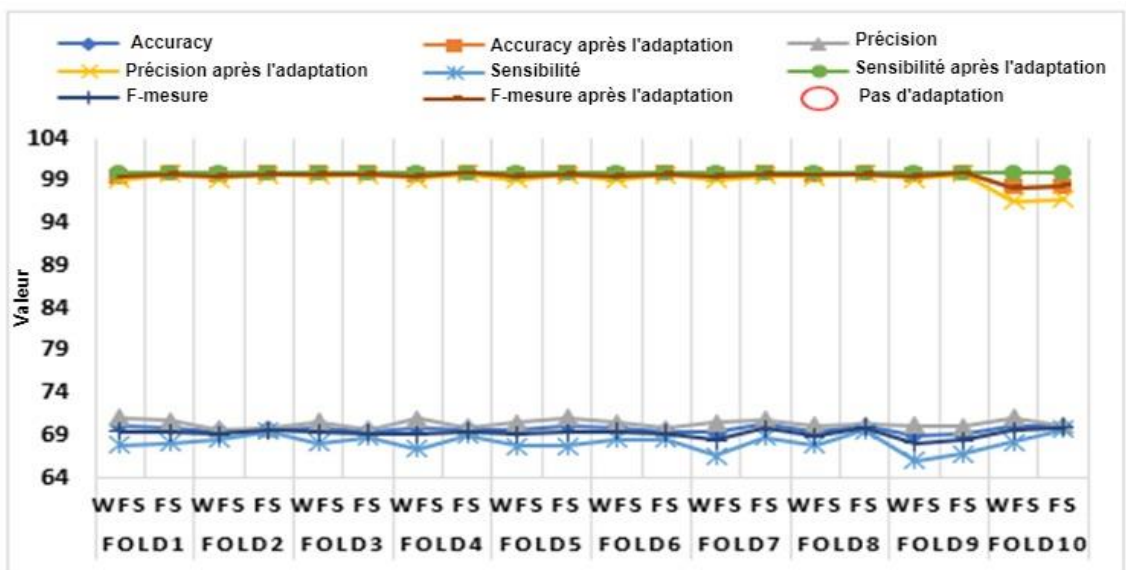


Figure 4.35. Adaptation des prédictions du modèle 1D CNN-RF en appliquant la validation croisée 10-fold stratifiée sur la base de cas CardioD.

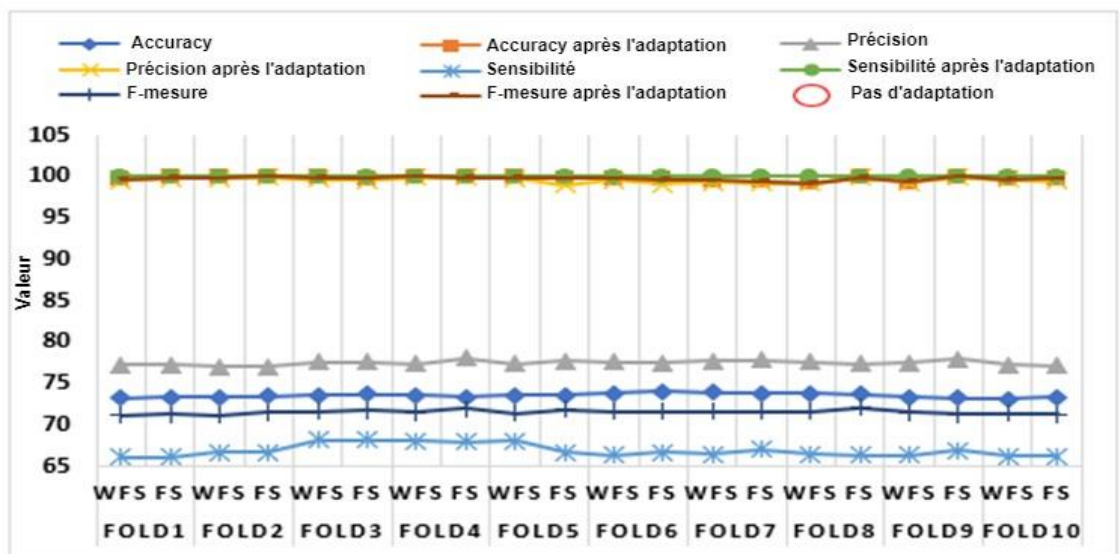


Figure 4.36. Adaptation des résultats de prédiction du modèle 1D CNN-SVM utilisant la technique de validation croisée 10-fold stratifiée sur la base de cas CardioD.

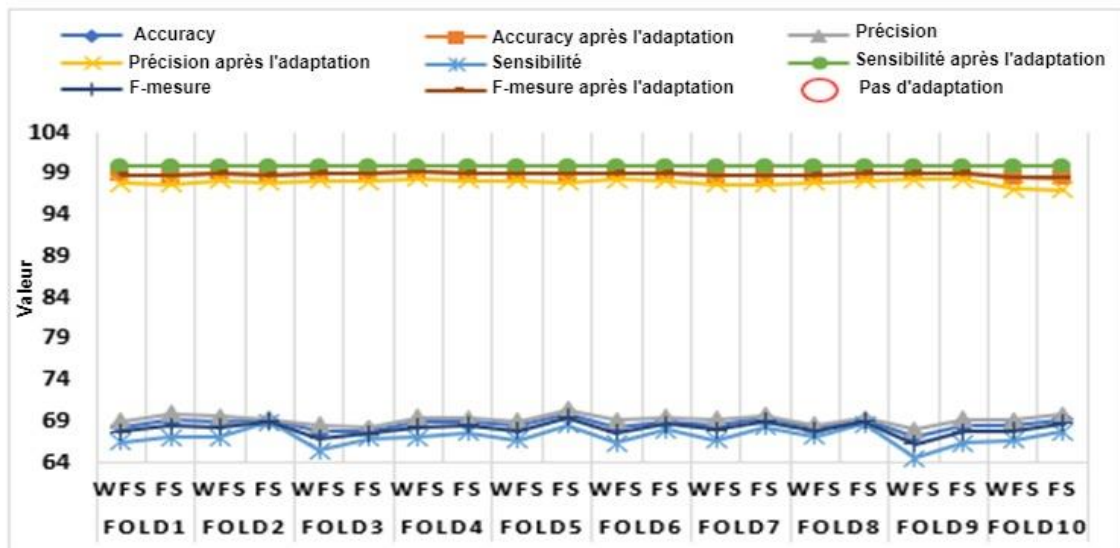


Figure 4.37. Adaptation des prédictions du modèle 1D CNN-KNN utilisant la technique de validation croisée 10-fold stratifiée sur la base de cas CardioD.

Tableau 4.9. Performance moyenne de chaque modèle appliqué sur la base de cas CHSLB après la phase d'adaptation

Modèle	WFS technique				FS technique			
	Acc%	Pre%	Sen%	F-Mr%	Acc%	Pre%	Sen%	F-Mr%
1D CNN	98,14	96,51	100,0	98,22	99,02	98,13	100,0	99,05
RF	99,12	98,31	100,0	99,15	99,70	99,43	100,0	99,71
SVM	98,82	97,76	100,0	98,87	100,0	100,0	100,0	100,0
KNN	99,51	99,05	100,0	99,52	99,80	99,62	100,0	99,81
1D CNN	RF	99,80	99,62	100,0	99,81	100,0	100,0	100,0
	SVM	100,0	100,0	100,0	100,0	100,0	100,0	100,0
	KNN	99,80	99,62	100,0	99,81	100,0	100,0	100,0

Tableau 4.10. Performance moyenne de chaque modèle appliqué sur la base de cas CardioD après la phase d'adaptation.

Modèle	WFS technique				FS technique			
	Acc%	Pre%	Sen%	F-Mr%	Acc%	Pre%	Sen%	F-Mr%
1D CNN	98,99	98,01	100,0	98,99	99,05	98,14	100,0	99,06
RF	99,24	98,51	100,0	99,24	99,72	99,45	100,0	99,72
SVM	98,85	97,75	100,0	98,86	98,84	97,73	100,0	98,85
KNN	98,90	97,85	100,0	98,91	98,94	97,93	100,0	98,95
1D CNN	RF	99,50	99,01	100,0	99,50	99,73	99,47	100,0
	SVM	99,71	99,59	100,0	99,71	99,82	99,57	100,0
	KNN	99,01	98,07	100,0	99,02	98,97	97,98	98,98

Les résultats présentés dans les Tableaux 4.9 et 4.10 montrent une amélioration notable des performances globales dans la prédiction de la maladie cardiaque en utilisant l'algorithme d'adaptation suggéré. Cet

algorithme est appliqué pour adapter les résultats prédits par chaque modèle utilisé dans la phase de remémoration, basée sur la stratégie de validation croisée 10-fold stratifiée, c'est-à-dire que l'algorithme adapte les résultats des cas de chaque pli (fold) dans l'ensemble des cas de test (Figures 4.25 à 4.37). L'algorithme ajuste tous les résultats des cas de pli dans chaque exécution, au lieu d'ajuster seulement un cas de résultat à la fois.

L'application de l'algorithme d'adaptation à chaque pli de test, tel que décrit précédemment, confirme sa mise en œuvre réussie et l'amélioration résultante des résultats moyens de performance. Il est à noter que les résultats prédits par le modèle hybride 1D CNN-SVM sur la base de cas CHSLB n'ont pas été ajustés en raison de la précision de ses prédictions lors de l'étape de remémoration (Figure 4.14).

Notre étude révèle que la phase d'adaptation a considérablement amélioré les résultats prédits dans l'étape de remémoration, notamment pour les cas de test traités à l'aide de la technique de sélection d'attributs Boruta. Par exemple, les résultats d'adaptation des modèles 1D CNN-RF, 1D CNN-KNN ou du modèle SVM (Tableau 4.9). En d'autres termes, les modèles qui exploitent des cas de test traités par la méthode Boruta montrent de meilleures performances après l'ajustement comparativement à ceux utilisant des cas de test non traités.

En outre, la sensibilité adaptée des sept modèles exploités dans notre approche confirme leur capacité à prédire avec précision les cas de test des bases de cas.

4.4 Discussion

Pour notre première contribution, nous avons suggéré d'adopter une approche basée sur le raisonnement par cas pour optimiser la précision dans la prédiction des maladies cardiaques. Cette méthode offre plusieurs avantages par rapport à d'autres techniques de prédiction, notamment :

- (1) **Flexibilité** : La phase de réutilisation offre la possibilité d'ajuster les solutions afin de les adapter à des contextes différents. Cela implique que le RàPC peut s'ajuster aux nouvelles données et aux situations changeantes, le rendant plus flexible que d'autres méthodes de prédiction. Cette flexibilité en fait un choix privilégié pour les applications médicales soumises à des changements fréquents.
- (2) **Explicabilité** : Le RàPC est une méthode qui peut facilement fournir des explications sur les facteurs ayant conduit à une certaine décision, ce qui est précieux pour les médecins souhaitant analyser les motifs derrière les diagnostics et les prévisions de maladies.
- (3) **Apprentissage par l'expérience** : Le RàPC se sert d'une base de données des cas antérieurs pour traiter des problèmes analogues. En d'autres termes, il peut apprendre de l'expérience et s'améliorer avec le temps, etc.

L'approche suggérée se divise en deux étapes principales : d'abord, la phase de remémoration, suivie par la phase d'adaptation. Nous avons débuté par l'élaboration des bases de cas à partir de deux ensembles

de données cardiaques prétraitées, puis nous avons opté pour la technique de sélection d'attributs Boruta pour déterminer les caractéristiques les plus significatives dans ces ensembles. D'après le Tableau 4.3, pour l'ensemble de données CHSLB, l'algorithme Boruta a identifié 11 attributs comme significatifs parmi les 13 disponibles. En revanche, pour l'ensemble de données CardioD, 9 attributs ont été retenus sur les 12 proposés.

Ces bases de cas sont ensuite employées pour entraîner et évaluer sept modèles différents (1D CNN, RF, SVM, KNN, 1D CNN-RF, 1D CNN-SVM, 1D CNN-KNN) au cours de la phase de remémoration, en utilisant la stratégie de validation croisée k-fold (k=10) stratifiée. Les performances de ces modèles dans la prédiction des maladies cardiaques sont mesurées en termes de précision, de sensibilité, de F-mesure et d'accuracy moyennes. Les Tableaux 4.7 et 4.8 indiquent que le modèle hybride 1D CNN-SVM a obtenu les meilleures performances de prédiction, avec un accuracy de 100 % sur le jeu de données CHSLB et de 73,59 % sur CardioD.

La supériorité de la combinaison du modèle d'apprentissage profond 1D CNN et du modèle d'apprentissage machine SVM en prédiction des maladies cardiaques par rapport aux autres modèles peut être attribuée à l'exploitation de leurs forces complémentaires. Le modèle 1D CNN est capable d'extraire des représentations significatives des données, qui peuvent ensuite servir de caractéristiques pour le modèle SVM. En outre, le 1D CNN est efficace pour capturer des relations complexes dans les données, tandis que le SVM contribue à éviter le surajustement et à améliorer la capacité de généralisation du modèle.

Dans la dernière étape, la phase d'adaptation ajuste les résultats prédits (remémorés) des modèles utilisés pour assurer des prédictions plus précises et fiables. Les Figures 4.38 et 4.39 illustrent graphiquement l'amélioration de l'une de ces performances (accuracy) en utilisant la phase d'adaptation.

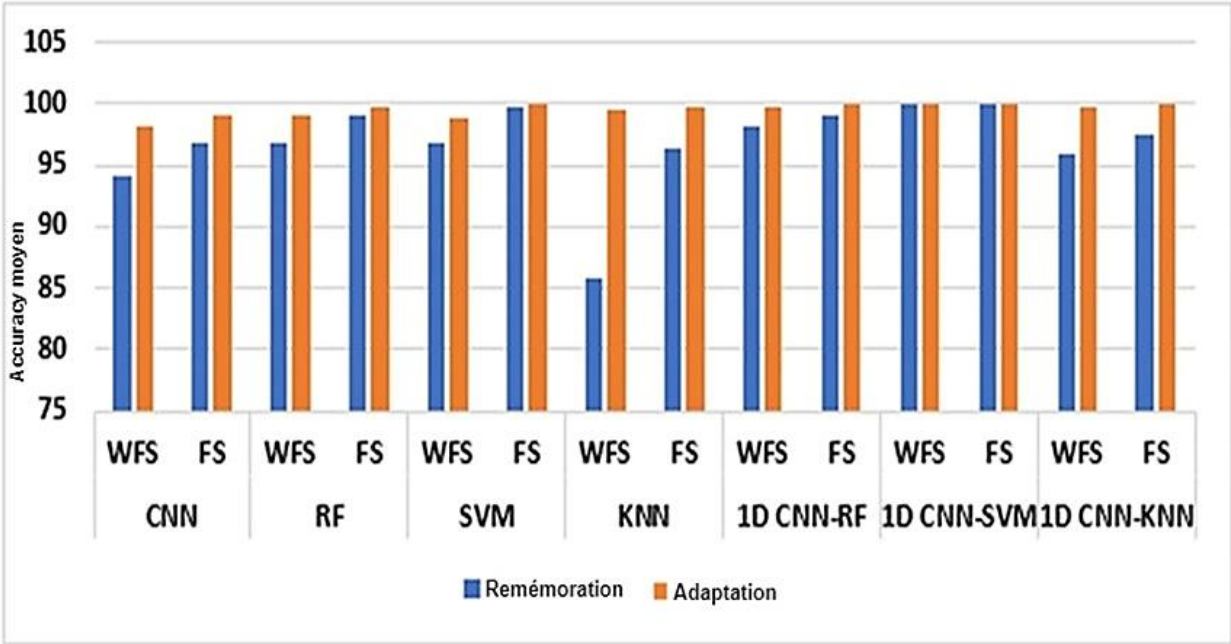


Figure 4.38. Comparaison des performances (accuracy moyen) des sept modèles sur la base de données CHSLB entre l'étape d'adaptation et l'étape de remémoration.

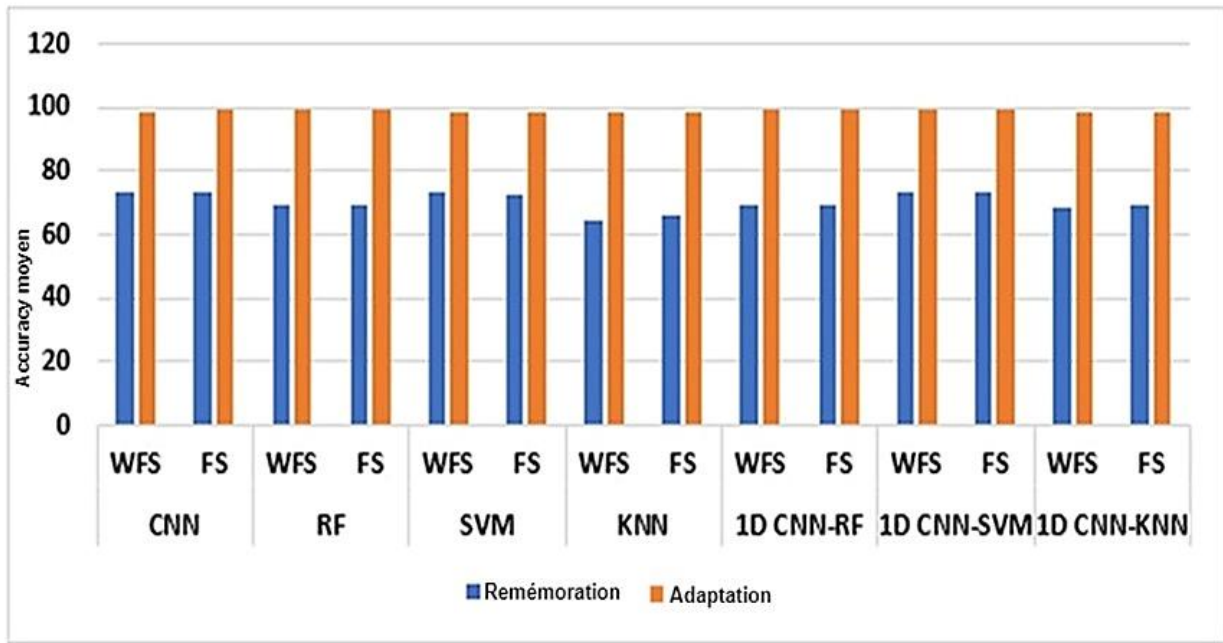


Figure 4.39. Comparaison des performances (accuracy moyen) des sept modèles sur la base de données CardioD entre l'étape d'adaptation et l'étape de remémoration.

4.4.1 Étude comparative selon le critère de performance

Cette section compare notre approche proposée avec les travaux existants pour la prédiction des maladies cardiaques. Les résultats de cette comparaison sont illustrés dans les tableaux 4.11 et 4.12, correspondant respectivement aux ensembles de données CHSLB et CardioD.

En plus des études abordées dans l'état de l'art au troisième chapitre, nous avons également évalué d'autres approches basées sur les modèles d'apprentissage automatique. En effet, les études de la littérature traitant des maladies cardiaques ne sont pas toutes comparables à notre contribution, chacune utilisant ses propres ensembles de données.

Plusieurs études ont utilisé des techniques d'apprentissage automatique pour classer les pathologies cardiaques en se basant sur les ensembles de données CHSLB et CardioD, montrant leur efficacité pour cette tâche de prédiction.

Yadav et Pal (Yadav & Pal, 2020) ont exploité quatre algorithmes d'arbres de décision, à savoir M5P, l'arbre aléatoire (Random Tree, RT), l'élagage des erreurs réduites (Reduced Error Pruning, REP) et les forêts aléatoires (Random Forest, RF). Ils ont précédé l'étape de classification par une sélection de caractéristiques. La technique des forêts aléatoires a atteint un accuracy de 99% sur les caractéristiques extraites par corrélation de Pearson ou Lasso.

Singh et al. (Singh et al., 2022) ont mené une étude comparative en utilisant quatre techniques d'apprentissage automatique, associées à des techniques de sélection de caractéristiques. Leur meilleure performance, atteignant un accuracy de 84%, a été obtenue grâce à l'utilisation de la régression logistique (Logistic Regression, LR) en combinaison avec la corrélation de Pearson.

Dans (Takci, 2018), l'auteur a évalué les SVM, Naïve Bayes (NB), arbres de décision (Decision trees), K-plus proches voisins et perceptrons multicouches, ainsi que diverses méthodes de sélection telles que la régression pas à pas, le filtrage de Fisher et le relief. Le modèle SVM a atteint un accuracy maximal de 84.81%.

Dans (Paul et al., 2016), les auteurs ont montré que l'association de l'algorithme d'optimisation des colonies d'abeilles artificielles avec les SVM permettait d'atteindre un accuracy remarquable de 86,76 % pour la prédiction des maladies coronariennes à partir des données de Cleveland.

Les auteurs Perva et al. (Perva et al., 2022) ont employé trois techniques d'apprentissage automatique, à savoir les arbres de décision (C4.5), les k-plus proches voisins (KNN) et Naïve Bayes, pour anticiper les maladies cardiovasculaires en utilisant le jeu de données CardioD. Grâce à l'outil WEKA pour la sélection des caractéristiques, ils ont déterminé que quatre attributs (pression artérielle, cholestérol, âge et indice de masse corporelle) étaient pertinents parmi les 11 attributs disponibles. Leur modèle KNN (k = 53) a atteint un accuracy maximal de 73.05%.

Dans (Pemmaraju et al., 2022), les chercheurs ont utilisé deux techniques de sélection de caractéristiques, à savoir la régression ridge et la régression Lasso, en combinaison avec six algorithmes de classification par apprentissage automatique pour détecter les maladies cardiaques. Leur analyse a montré que le modèle RF combiné avec la régression Lasso a atteint un accuracy maximal de 77.25%.

Les auteurs Maiga et Hungilo (Maiga & Hungilo, 2019) ont analysé l'efficacité des algorithmes d'apprentissage automatique les plus fréquemment employés pour la prédiction des maladies cardiovasculaires. Ils ont déterminé que le modèle de forêt aléatoire était le plus approprié, affichant un accuracy élevé de 73 %, une spécificité de 65 % et une sensibilité de 80 %.

Dans leur étude, Khan et Mondal (Khan & Mondal, 2020) ont utilisé divers algorithmes d'apprentissage automatique, en combinaison avec une technique de sélection de caractéristiques, pour estimer le risque de maladie cardiaque chez les patients. Parmi les modèles testés, le SVM a affiché un accuracy maximal de 72,22 %.

Usha et Kanchana (USHA & KANCHANA, 2021) ont analysé l'impact de l'application de techniques de sélection de caractéristiques en combinaison avec des techniques de classification en apprentissage automatique, telles que l'arbre de décision, la régression logistique, la forêt aléatoire et AdaBoost, dans le cadre de la prédiction des maladies cardiaques. Ils ont conclu que AdaBoost produisait les meilleurs résultats quelle que soit la technique de sélection utilisée.

Jubier Ali et al. (Jubier Ali et al., 2022) ont également mené une étude comparant plusieurs techniques d'apprentissage automatique, dont la régression logistique (LR), les arbres de décision (DT), les machines à vecteurs de support (SVM), le Naïve Bayes (NB), les forêts aléatoires (RF) et les k-plus proches voisins (KNN), en les associant à une méthode de sélection de caractéristiques basée sur la statistique F de

l'ANOVA pour prédire les maladies cardiovasculaires. Leur analyse a révélé que la méthode des forêts aléatoires (RF) était la plus efficace, atteignant un accuracy de 69,41 %

Tableau 4.11. Comparaison de l'approche suggérée avec les études précédentes sur l'ensemble de données CHSLB.

Auteurs	Techniques utilisé(es)	FS techniques	Accuracy atteint
(Tomov & Tomov, 2018)	DNN	–	99%
(Sharma & Parmar, 2020)	DNN	–	90.78%
(Miao & Miao, 2018)	DNN	–	83.67%
(Mehmood et al., 2021)	CNN	Régularisation Lasso	97%
(Modak et al., 2022)	DNN	Une variante de la méthode de Sélection Infinie de Caractéristiques	87.70%
(Yadav & Pal, 2020)	M5P, RT, REP, RF	Corrélation de Pearson Élimination récursive de caractéristiques Régularisation Lasso	99 % en utilisant la Corrélation de Pearson ou la Régularisation Lasso
(Singh et al., 2022)	RF, LR, NB, SVM	Corrélation de Pearson Chi-carré	84 % (LR en utilisant la Corrélation de Pearson)
(Takci, 2018)	SVM, NB, DT, KNN, MLP	Modèles de régression pas à pas Filtrage de Fisher (FF) Relief	84.81% avec SVM
(Paul et al., 2016)	SVM	Intelligence en essaim basée sur la Colonie d'Abeilles Artificielle (ABC)	86.76%
Approche suggérée	RàPC combiné à un modèle hybride 1D CNN-SVM	Méthode Boruta	100%

Tableau 4.12. Comparaison de l'approche suggérée avec les études précédentes sur l'ensemble de données CardioD.

Auteurs	Techniques utilisé(es)	FS techniques	Accuracy atteint
(Reddy et al., 2022)	LR, NB, RF, MLP	–	73.78% avec MLP
(Alfaidi et al., 2022)	MLP, LR, SVM, RF, KNN, NB, DT	Chi-carré	87.23% avec MLP
(Perva et al., 2022)	C4.5, KNN, NB	Sélection de caractéristiques avec WEKA	73.05% avec KNN (K=53)
(Pemmaraju et al., 2022)	RF, DT, KNN, SVM, Gaussian NB, LR	Régression Ridge Régularisation Lasso	77.25%
(Maiga & Hungilo, 2019)	RF, NB, KNN, LR	Régularisation Lasso	73% avec RF
(Khan & Mondal, 2020)	SVM, DT, KNN, LR, NB, RF	Sélection univariée de caractéristiques	72.22% avec SVM
(USHA & KANCHANA, 2021)	LR, DT, AB, RF	Chi-carré Élimination Récursive de Caractéristiques	73 % avec AB en utilisant l'Élimination récursive de caractéristiques

(Jubier Ali et al., 2022)	LR, DT, SVM, NB, RF, KNN	Statistique F de l'ANOVA	69.41% avec RF
Approche suggérée	RàPC combiné à un modèle hybride 1D CNN-SVM	Méthode Boruta	99.82%

La comparaison avec les travaux connexes, telle que présentée dans les Tableaux 4.11 et 4.12, met en évidence les performances supérieures de l'approche proposée pour la prédiction des maladies cardiaques. L'utilisation d'une approche intégrant le raisonnement basé sur des cas avec un modèle hybride 1D CNN-SVM, couplée à la technique Boruta pour la sélection des caractéristiques, a permis d'obtenir un accuracy de 100% sur CHSLB et de 99,82% sur CardioD.

Ces résultats surpassent de manière significative ceux observés dans les recherches précédentes utilisant différentes méthodes d'apprentissage automatique, d'apprentissage profond et de sélection de caractéristiques sur les mêmes ensembles de données.

De plus, les résultats globaux mettent en évidence l'importance essentielle de l'étape d'adaptation dans tout système de raisonnement à partir de cas médical. Cette étape s'est avérée essentielle pour améliorer la précision, la pertinence et l'efficacité du système suggéré. Cependant, il est crucial de souligner que l'efficacité de toute méthode reposant sur le RàPC dans le secteur médical est étroitement liée à la qualité et à l'ampleur des données accessibles. En outre, de telles méthodes nécessitent une maintenance et des mises à jour constantes à mesure que de nouveaux cas deviennent disponibles.

4.5 Conclusion

La détection précoce des maladies cardiaques est cruciale pour prévenir les éventuels décès dus aux crises cardiaques. Une approche de prédiction robuste et fiable peut aider les médecins à anticiper la présence de maladies cardiaques avant qu'elles ne deviennent mortelles.

Cette recherche examine la détection précoce des maladies cardiaques possibles en appliquant la méthode RàPC sur deux des ensembles de données cardiaques les plus utilisés, à savoir CHSLB et CardioD. L'approche RàPC proposée se compose de deux phases cruciales : la phase de remémoration intégrant les modèles de ML (RF, KNN et SVM), de DL (1D CNN) et leur hybridation (1D CNN-RF, 1D CNN-KNN et 1D CNN-SVM) pour la prédiction de la maladie cardiaque, suivie de la phase d'adaptation, où notre approche utilise les solutions récupérées par les modèles et les adapte au problème en question. La méthode Boruta est également utilisée pour identifier les attributs les plus significatifs dans les deux ensembles de données.

Les résultats démontrent que l'approche suggérée surpasse les stratégies utilisées pour le même objectif, indiquant que le modèle hybride 1D CNN-SVM est le plus approprié pour prédire les maladies cardiaques avec une précision élevée sur les deux ensembles de données.

Chapitre Cinq :

**Modélisation de la phase de remémoration
pour la classification du cancer de la peau
utilisant un modèle de deep forest modifié et
un modèle CNN avec mécanisme d'attention**

Chapitre Quatre :

Modélisation de la phase de remémoration pour la classification du cancer de la peau utilisant un modèle de deep forest modifié et un modèle CNN avec mécanisme d'attention

5.1 Introduction

Tout comme les maladies cardiovasculaires constituent un enjeu majeur pour la santé publique, le cancer de la peau émerge comme une préoccupation sanitaire de grande importance. L'accroissement de son incidence à un rythme alarmant souligne l'urgence de développer des solutions diagnostiques et thérapeutiques à la fois précises et innovantes (Gasmi et al., 2024b).

Dans le cadre clinique, les professionnels de la santé doivent fréquemment faire face à la difficulté de différencier les divers types de cancers de la peau. Cette tâche est compliquée par les variations visuelles subtiles entre les lésions cutanées ainsi que par les distinctions parfois ténues entre les tumeurs bénignes et malignes. Ce contexte représente une difficulté considérable, y compris pour les dermatologues les plus expérimentés. Malgré les avancées significatives réalisées grâce à l'application des techniques d'intelligence artificielle, d'apprentissage automatique et profond, ainsi qu'à l'utilisation de méthodes d'imagerie non invasive telles que la dermoscopie, les stratégies actuelles pour la classification automatique du cancer de la peau, impliquant ces diverses approches, font face à des défis de généralisation qui compromettent la précision de leurs résultats.

Notre objectif est d'optimiser la phase de remémoration dans le système de raisonnement basé sur les cas afin de mieux classifier le cancer de la peau. Cette amélioration repose sur l'exploitation des réseaux de neurones convolutionnels (CNN) dotés d'un mécanisme d'attention, ce qui facilite l'extraction efficace des caractéristiques à partir d'images dermoscopiques pour la création des bases de cas utilisées dans cette phase. En outre, cette approche intègre un modèle de deep forest ajusté ainsi que des classificateurs d'apprentissage automatique classiques pour garantir une classification précise du cancer de la peau. La synergie de ces techniques avancées renforce la phase de rappel, conduisant ainsi à une précision et une fiabilité améliorées dans la détection du cancer cutané.

Les parties suivantes de ce chapitre seront consacrées à une analyse détaillée de chaque composant de cette contribution..

5.2 Proposition d'une phase de remémoration pour la classification du cancer de la peau

La méthode que nous suggérons pour la classification du cancer de la peau est illustrée dans la Figure 5.1. Nous avons procédé au prétraitement des données et à l'extraction des caractéristiques, comme expliqué dans les sections suivantes, pour élaborer les bases de cas nécessaires à la phase de remémoration. Chaque exemple dans la base d'entraînement comprend un groupe de caractéristiques dérivées d'une image provenant de l'ensemble de données utilisé, grâce au modèle CNN doté du mécanisme d'attention. La partie problème de chaque cas correspond à ces caractéristiques, tandis que la partie solution représente le type de cancer de la peau associé à l'image. Pour chaque exemple dans la base de test, les caractéristiques de l'image définissent la section problème, tandis que le type de cancer de la peau à prédire constitue la section solution.

Pour approfondir la phase de réminiscence dans le cadre du cycle RàPC, nous avons intégré le modèle Deep Forest (DF) modifié (décrit dans la section 5.2.4), ainsi que le modèle DF et plusieurs modèles d'apprentissage automatique traditionnels tels que les machines à vecteurs de support (SVM), les plus proches voisins (KNN), le boosting extrême par gradient (XGBoost) et la forêt aléatoire (RF). Cette intégration nous offre la possibilité d'obtenir une classification ou une solution pour un nouveau cas, en utilisant un ensemble de caractéristiques propres au cancer de la peau provenant de la base de données de test. Nous choisissons la classe avec la meilleure précision parmi celles déterminées par les différents classificateurs intégrés.

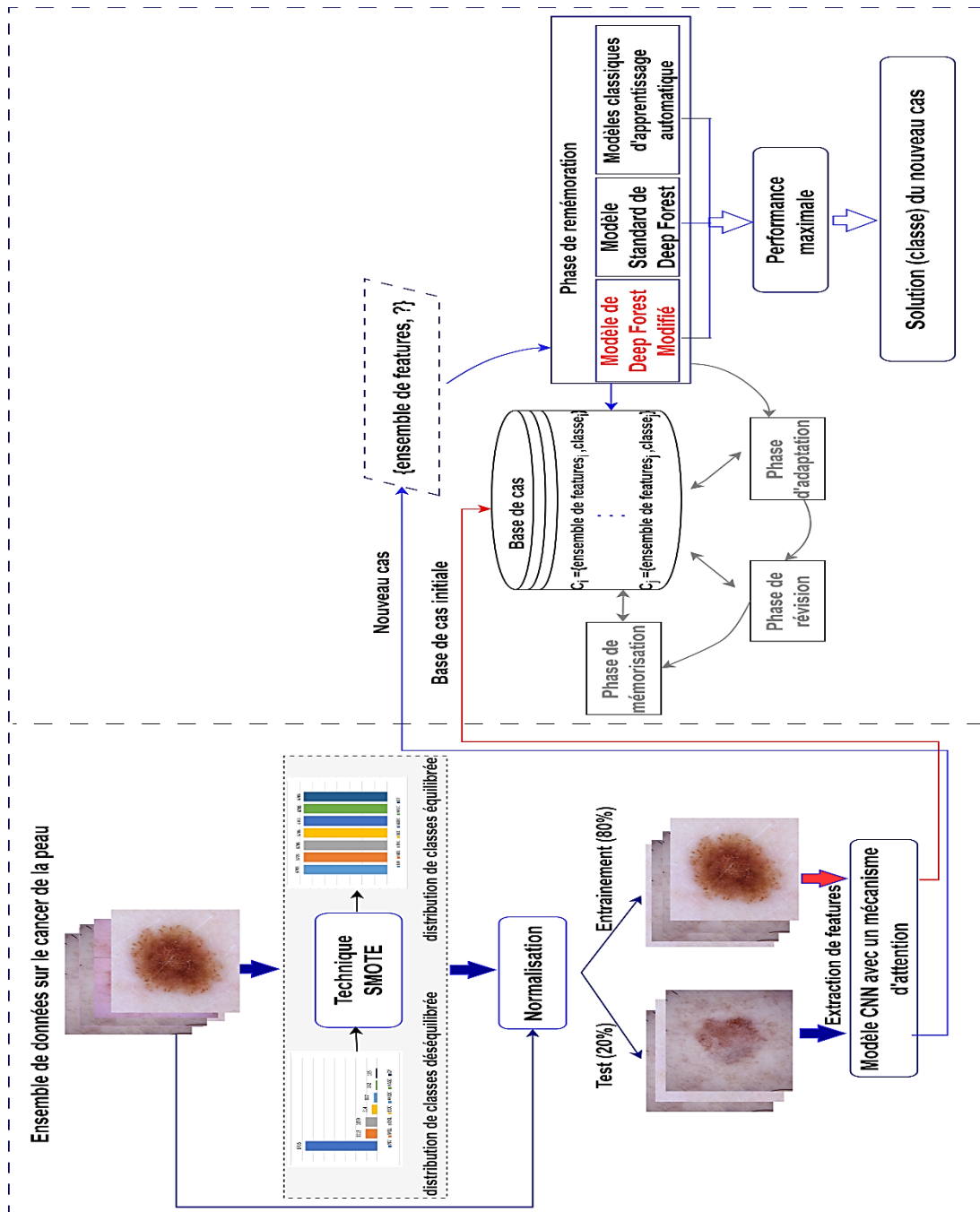


Figure 5.1. Représentation graphique de la méthode suggérée pour la classification du cancer cutané (Gasmi et al., 2024a).

5.2.1 Présentation du jeu de données sur le cancer de la peau employé

Pour d'évaluer notre méthode, nous avons exploité l'ensemble de données dermoscopiques HAM10000 (Human Against Machine with 10000 training images) (Tschandl et al., 2018). Cet ensemble se compose de 10015 images de lésions cutanées, préalablement diagnostiquées et méticuleusement annotées par des dermatologues experts. Ces images couvrent un large éventail de lésions dermatologiques, incluant sept types principaux : nævus mélanocytaires, mélanome, kératose bénigne, carcinome basocellulaire, kératoses actiniques, lésions vasculaires, et dermatofibromes. La Figure 5.2 illustre quelques exemples pour chaque type.



Figure 5.2. Exemples illustratifs des divers types de cancer cutané issus du jeu de données HAM10000(Tschandl et al., 2018).

Les images originales, en couleur, offrent une résolution de 450x600 pixels. Toutefois, pour les besoins de notre évaluation, nous avons utilisé une version réduite à 28x28 pixels, disponible sous forme de vecteurs dans un fichier CSV, en raison des contraintes de capacité de notre environnement d'expérimentation. Le jeu de données HAM10000 est appliqué comme référence pour le développement et la validation de méthodes de diagnostic automatisé du cancer de la peau, en raison de sa diversité et de sa capacité à représenter les différentes lésions cutanées.

Tableau 5.1. Présentation des caractéristiques du jeu de données HAM10000.

Jeu de données	Description	Classe
HAM10000	10015 images Taille de l'image : (28, 28, 3)	0: Melanocytic nevus (NV, 6705 images) 1: Melanoma (MEL, 1113 images) 2: Benign keratosis (BKL, 1099 images) 3: Basal cell carcinoma (BCC, 514 images) 4: Actinic keratoses (AKIEC, 327 images) 5: Vascular lesion (VASC, 142 images) 6: Dermatofibroma (DF, 115 images)

5.2.2 Préparation préalable des données utilisées

L'ensemble de données HAM10000 souffre d'un déséquilibre notable entre ses différentes classes, ce qui impose un prétraitement préalable à son utilisation. Comme le montre la Figure 5.3, les images de la classe des nævus mélanocytaires (NV) constituent plus de 50 % de l'ensemble des données, ce qui pourrait affecter négativement la performance de classification des classes minoritaires.

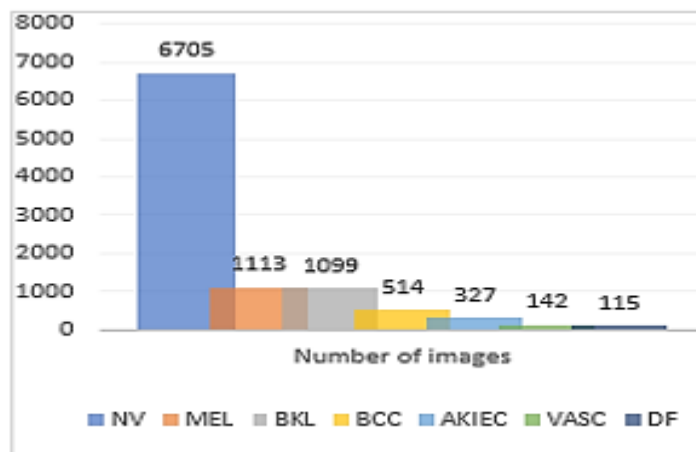


Figure 5.3. Répartition déséquilibrée des classes dans l'ensemble de données HAM10000.

Plusieurs stratégies existent pour remédier au déséquilibre (Remy et al., 2020) significatif entre les classes de l'ensemble de données HAM10000, chacune avec ses propres avantages et limites. Parmi celles-ci, nous pouvons citer :

- **Sur-échantillonnage** : Cette technique cherche à accroître le nombre d'instances dans les classes minoritaires afin de les rendre équivalentes à celui de la classe majoritaire. Le suréchantillonnage des minorités synthétique (Synthetic Minority Over-sampling Technique, SMOTE) et l'échantillonnage synthétique adaptatif (Adaptive Synthetic Sampling, ADASYN) sont deux exemples notables.
- **Sous-échantillonnage** : cette approche a pour objectif de diminuer la fréquence de la classe dominante dans un ensemble de données, pour parvenir à une distribution plus équilibrée des classes. Cette technique implique une sélection délibérée d'échantillons de la classe majoritaire à éliminer, basée sur des critères précis qui visent à préserver l'intégrité informationnelle et la variabilité des données. Parmi les stratégies spécifiques employées, les liens de Tomek et les centroïdes de clusters se distinguent par leur capacité à affiner la représentativité des données.
- **Méthodes hybrides** : Ces approches combinent les avantages du suréchantillonnage et du sous-échantillonnage pour atteindre un équilibre optimal. Un exemple est la méthode SMOTE+ENN, qui applique d'abord SMOTE pour suréchantillonner la classe minoritaire, suivie d'une technique de filtration comme l'édition des plus proches voisins (Edited Nearest Neighbor, ENN) pour éliminer les échantillons de la classe dominante qui se superposent aux classes minoritaires.
- **Modification de l'algorithme** : Au lieu de modifier les données, certaines stratégies ajustent les algorithmes d'apprentissage afin de tenir compte plus attentivement du déséquilibre des classes. Par exemple, l'apprentissage sensible au coût (cost-sensitive learning) modifie les coûts de classification pour infliger une

pénalité plus élevée aux erreurs de classification des classes minoritaires, ce qui incite l'algorithme à améliorer sa performance sur ces classes.

- **Génération de données synthétiques** : Les réseaux antagonistes génératifs (GAN) représentent une technique avancée pour générer de nouvelles instances de données. Dans le cadre du déséquilibre entre les classes, un GAN peut être entraîné de manière à générer des échantillons synthétiques pour les classes sous-représentées, en apprenant la distribution des données existantes et en produisant de nouveaux exemples qui sont indiscernables pour l'algorithme.

Parmi ces différentes stratégies, nous avons choisi d'appliquer la Technique de Suréchantillonnage des Minorités Synthétiques (SMOTE) en raison de son efficacité démontrée pour traiter le déséquilibre de classes dans divers problèmes de classification, ainsi que pour ses avantages spécifiques :

- **Préservation de l'information** : SMOTE génère de nouvelles instances en combinant les caractéristiques des exemples existants, préservant ainsi l'information contenue dans les données d'origine.
- **Réduction du risque de surapprentissage** : En générant des échantillons supplémentaires pour la classe minoritaire de manière artificielle, SMOTE aide à minimiser le risque de surajustement lié à l'entraînement sur des ensembles de données déséquilibrés.
- **Amélioration de la généralisation** : En diversifiant les exemples de la classe minoritaire, SMOTE renforce la capacité du modèle à s'adapter à des données nouvelles et non observées, ce qui améliore ses performances sur des jeux de données de test.

Dans la sous-section suivante, nous décrivons en détail le fonctionnement de cette méthode.

5.2.2.1 La méthode SMOTE

La méthode SMOTE est une approche de suréchantillonnage introduite par Chawla et al. (Chawla et al., 2002) pour remédier au déséquilibre entre les classes dans un jeu de données.

Le concept de SMOTE repose sur la création de nouvelles instances artificielles pour la classe minoritaire dans le but d'équilibrer sa proportion par rapport à la classe majoritaire. Pour chaque exemple minoritaire, SMOTE identifie ses k plus proches voisins ($k=5$) dans l'espace des caractéristiques à l'aide d'une métrique de distance, comme la distance euclidienne. Ensuite, de nouvelles instances sont créées par interpolation entre cet exemple et ses voisins. Plus précisément, une nouvelle instance est générée en prenant l'exemple minoritaire existant et en y ajoutant un déplacement aléatoire le long du segment de ligne entre cet exemple et l'un de ses k plus proches voisins. Ce processus est répété jusqu'à obtenir le nombre désiré d'instances synthétiques supplémentaires pour la classe minoritaire. Les étapes détaillées de cet algorithme sont décrites dans l'Algorithme 5.2.

Entrées : Ensemble de données déséquilibré HAM10000

Sorties : Ensemble de données équilibré HAM_SM

Début

1. Identifier la classe minoritaire dans le dataset déséquilibré
 2. Déterminer le nombre désiré d'échantillons synthétiques à générer pour la classe minoritaire
 3. Pour chaque échantillon x_i de la classe minoritaire :
 - a. Trouver ses k plus proches voisins (PPV) en utilisant une métrique de distance (distance euclidienne)
 4. Sélectionner aléatoirement k PPV ($k=5$) pour chaque échantillon minoritaire x_i
 5. Pour chaque PPV sélectionné x_j :
 - a. Générer un nombre aléatoire α entre 0 et 1
 - b. Calculer la différence entre les vecteurs de caractéristiques de x_i et x_j
 - c. Multiplier la différence par α
 - d. Ajouter le résultat au vecteur de caractéristiques de x_i pour créer un nouvel échantillon synthétique selon:

$$x_{\text{nouveau_syn}} = x_i + (x_i - x_j) \times \alpha$$
- Répéter les étapes 3 à 5 jusqu'à obtenir le nombre désiré d'échantillons synthétiques.

Fin

Après le rééchantillonnage de l'ensemble de données HAM10000 à l'aide de la technique SMOTE, nous avons obtenu un ensemble de 46 935 images de lésions cutanées (HAM-SM) avec une distribution équilibrée entre les sept classes (Figure 5.4).

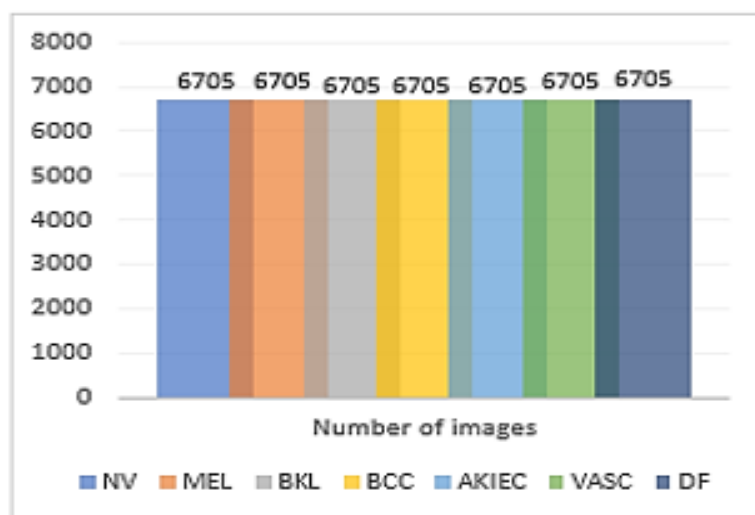


Figure 5.4. Répartition des catégories dans l'ensemble de données HAM10000 après l'utilisation de la méthode SMOTE

Ensuite, nous avons normalisé les images en les divisant par 255 pour réduire la complexité computationnelle lors de l'extraction des caractéristiques à l'aide du modèle CNN suggéré. Après cette normalisation, la plage de pixels de chaque image dans l'ensemble de données HAM-SM sera de 0 à 1 au lieu de 0 à 256. Enfin, nous avons divisé l'ensemble de données HAM-SM en 80 % pour l'entraînement et 20 % pour le test en utilisant la technique de Séparation Aléatoire.

5.2.3 Extraction de caractéristiques à l'aide d'un CNN avec mécanisme d'attention

Dans notre approche, nous avons développé une architecture de réseau neuronal convolutionnel (CNN) qui intègre un mécanisme d'attention douce (Yang, 2020) pour une extraction précise des caractéristiques des

images de cancer de la peau. Comme illustré à la Figure 5.5, ce modèle est conçu pour extraire efficacement les caractéristiques discriminantes de l'ensemble de données HAM-SM équilibré. Il commence par des couches convolutionnelles qui assurent une extraction robuste des caractéristiques, suivies de couches MaxPooling2D pour effectuer un sous-échantillonnage tout en conservant les informations cruciales.

L'innovation clé réside dans l'intégration d'un mécanisme d'attention douce, qui permet au modèle de se concentrer sélectivement sur les régions pertinentes au sein des cartes de caractéristiques.

Ce mécanisme d'attention est implémenté via plusieurs couches : tout d'abord, les poids d'attention sont calculés grâce à une couche dense utilisant la fonction d'activation softmax. Ces poids d'attention illustrent la pertinence des différentes zones au sein des cartes de caractéristiques. Par la suite, une couche de remodelage est utilisée pour adapter ces poids d'attention aux cartes de caractéristiques en ajustant leurs dimensions spatiales pour qu'elles correspondent. Cela garantit que les poids d'attention peuvent être appliqués élément par élément à chaque emplacement correspondant des cartes de caractéristiques. Par la suite, les poids d'attention remodelés sont multipliés élément par élément avec les cartes de caractéristiques à l'aide de la couche Multiply. Cette étape vise à améliorer la représentation des caractéristiques importantes tout en supprimant les informations non pertinentes. La représentation ainsi obtenue est ensuite aplatie et passe à travers des couches denses pour capturer les relations complexes entre les caractéristiques. Enfin, la couche de prédiction, implémentée sous forme d'une couche dense avec une fonction d'activation softmax, classe les images de cancer de la peau en sept types.

Après l'extraction des caractéristiques, celles-ci servent à créer une base de données de cas, essentielle pour le système de raisonnement basé sur les cas. Cette base de données fonctionne comme un répertoire des cas de cancer de la peau précédemment identifiés, en intégrant leurs caractéristiques associées et leurs classifications.

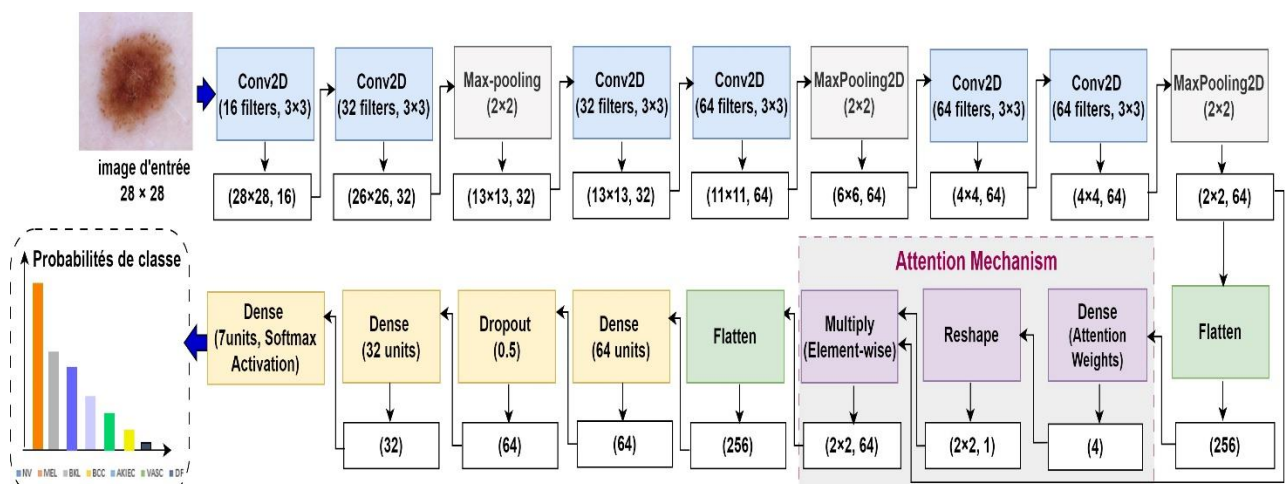


Figure 5.5. L'architecture du modèle CNN suggéré avec mécanisme d'attention pour l'extraction des caractéristiques (Gasmi et al., 2024a).

5.2.4 Modèle de deep forest modifié

Le modèle Deep Forest (DF), également connu sous le nom de gcForest, a été proposé par Zhou et Feng (Zhou & Feng, 2019). Il s'agit d'un ensemble de forêts d'arbres de décision qui offre des performances comparables à celles des réseaux neuronaux profonds, tout en évitant leurs inconvénients, tels que la dépendance à de grands ensembles de données d'entraînement, les hyperparamètres, la faible interprétabilité et la complexité élevée.

Selon les auteurs, le modèle DF peut être divisé en deux parties distinctes. La première partie est la structure de Balayage Multi-Granulaire, qui utilise des fenêtres coulissantes pour analyser les caractéristiques brutes. Cette approche crée un ensemble de vecteurs de caractéristiques en utilisant des fenêtres coulissantes de diverses tailles. La deuxième phase du gcForest consiste en une structure en cascade de forêts, où chaque niveau reçoit les caractéristiques traitées par le niveau précédent et transmet les résultats de son traitement au niveau suivant.

Une idée importante sous-jacente à la structure de forêt en cascade est la distribution de classes produite par chaque arbre pour chaque exemple d'entrée. Cette distribution est obtenue en calculant le pourcentage des différentes classes d'exemples au niveau des feuilles de l'arbre où se trouve l'exemple en question. En moyennant ces distributions de classe à travers tous les arbres de la même forêt, un vecteur de classe est généré et concaténé avec le vecteur d'origine pour être utilisé au niveau suivant de la cascade.

Le vecteur de classe obtenu en tant que résultat de la classification RF est similaire à l'idée sous-jacente à la méthode de stacking (Wolpert, 1992). Cette approche forme d'abord les apprenants de premier niveau en utilisant l'ensemble de données initial, puis crée un nouvel ensemble de données pour entraîner le méta-apprenant de second niveau. Dans ce nouvel ensemble, les résultats des apprenants de premier niveau sont utilisés comme caractéristiques d'entrée pour le méta-apprenant de second niveau, tandis que les étiquettes originales sont conservées comme étiquettes. Les vecteurs de classe dans le gcForest peuvent être considérés comme des méta-apprenants. À la différence de l'algorithme de stacking, le gcForest combine à chaque niveau de la cascade à la fois le vecteur d'origine et les vecteurs de classe, en les concaténant. Cela entraîne une augmentation de la dimensionnalité du vecteur de caractéristiques à chaque étape de la cascade.

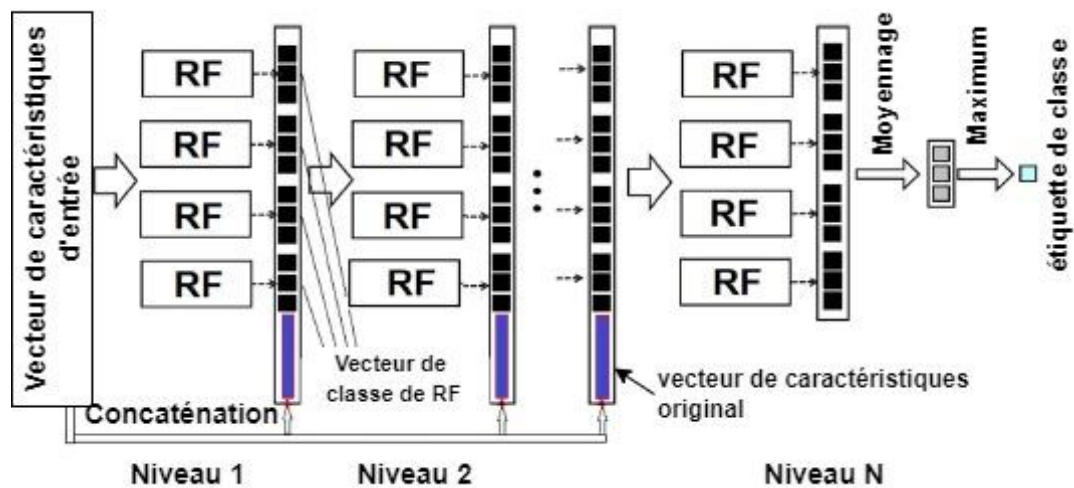


Figure 5.6. L'architecture de la forêt en cascade du modèle Deep Forest (Zhou & Feng, 2019).

Il est possible de modifier la structure de la forêt afin d'améliorer les performances du modèle Deep Forest (DF) pour une application spécifique. Dans cette perspective, nous avons proposé d'utiliser uniquement la partie de la structure en cascade du modèle DF et de la modifier pour améliorer la classification du cancer de la peau. La Figure 5.7 présente l'architecture de la forêt en cascade modifiée du modèle DF utilisée dans la phase de remémoration. Nous avons modifié uniquement le premier niveau de la cascade, en remplaçant les Random Forests (RF) par des modèles XGBoost. Les modèles de chaque niveau génèrent des vecteurs de classe sept-dimensionnels concaténés les uns aux autres et avec l'entrée d'origine.

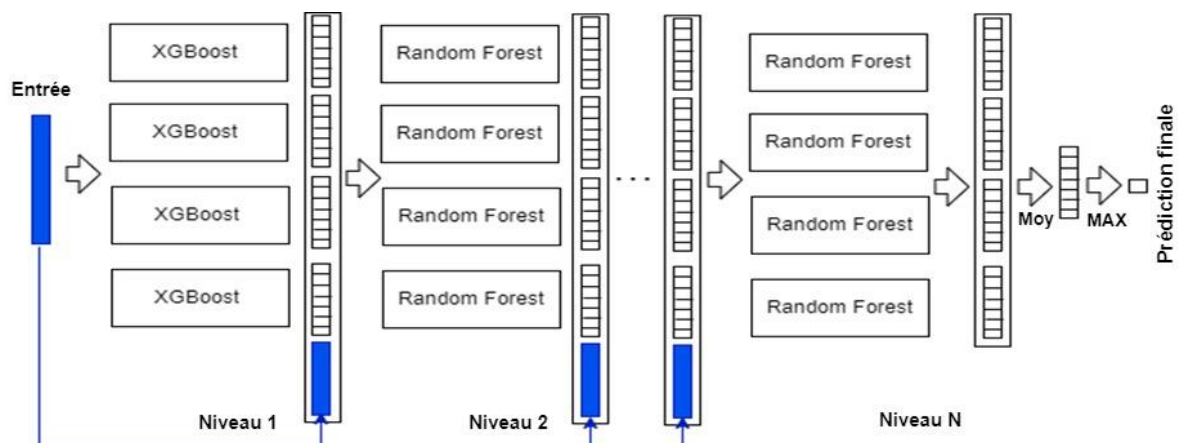


Figure 5.7. L'architecture modifiée de la forêt en cascade du modèle Deep Forest. À chaque couche, quatre classificateurs fondamentaux produisent des vecteurs de probabilité, servant de caractéristiques augmentées pour le processus d'apprentissage de la couche suivante.

XGBoost est un algorithme d'apprentissage automatique reposant sur la méthode de boosting par gradient, couramment utilisé pour des tâches de classification et de régression. Cette approche consiste à combiner plusieurs modèles faibles, souvent des arbres de décision, afin de créer un modèle global plus robuste et précis.

Le but principal de XGBoost est de réduire une fonction de perte régularisée, qui est la somme d'une fonction de perte et d'un terme de régularisation. La fonction de perte évalue l'écart entre les prédictions du modèle et les valeurs réelles, tandis que le terme de régularisation permet de limiter le risque de surajustement en pénalisant les modèles trop complexes. La formule de la perte utilisée par XGBoost est généralement exprimée comme suit :

$$Loss = \sum_{i=1}^n L(y_i, \hat{y}_i) + \sum_{k=1}^K \Omega(f_k) \quad (5.1)$$

Où :

L est la fonction de perte qui mesure l'erreur entre la prédiction \hat{y}_i et la vraie valeur y_i ,

Ω est la fonction de régularisation qui pénalise la complexité du modèle,

f_k est la prédiction du k-ème arbre de décision,

K est le nombre total d'arbres dans l'ensemble.

XGBoost utilise une méthode itérative pour entraîner les arbres de décision, où chaque nouvel arbre est ajouté à l'ensemble en minimisant la fonction de perte. Les résultats finaux sont obtenus en agréant les prédictions de chaque arbre, ajustées par un coefficient d'apprentissage. Cette méthode de boosting itératif permet à XGBoost d'obtenir d'excellentes performances, tout en offrant une grande flexibilité et une capacité à traiter efficacement de grands volumes de données. L'incorporation de XGBoost était motivée par le fait que cet algorithme de boosting par gradient possède des capacités supérieures par rapport à d'autres méthodes. En utilisant XGBoost, nous pouvons exploiter efficacement les avantages du boosting par gradient pour améliorer l'apprentissage en ensemble, ce qui se traduit par une meilleure performance prédictive dans notre tâche de classification du cancer de la peau. En d'autres termes, XGBoost nous permet d'obtenir des modèles plus puissants et plus précis en combinant plusieurs modèles faibles de manière optimale.

Dans les couches suivantes, nous avons continué à utiliser le modèle de forêt aléatoire pour exploiter ses points forts dans la manipulation d'espaces de caractéristiques de haute dimension et dans le maintien de la diversité au sein de l'ensemble.

5.3 Résultats et discussion

Dans cette section, nous exposons les performances d'entraînement et d'évaluation du modèle CNN proposé. Nous exposons aussi les résultats obtenus lors de la phase de réminiscence du système RàPC pour la classification du cancer de la peau, en les comparant de manière approfondie avec d'autres classificateurs.

5.3.1 Performance du modèle CNN suggéré

Pour évaluer l'efficacité du modèle CNN proposé, avec et sans mécanisme d'attention, celui-ci a été d'abord entraîné sur l'ensemble de données HAM-SM en utilisant les paramètres spécifiés comme décrits dans le Tableau 5.2.

Tableau 5.2. Détails des paramètres du modèle CNN utilisé.

Paramètre	Valeur
Nombre d'époques	30
Taille du lot	64
Taux d'apprentissage	0.00001
Optimiseur	Adam
Fonction d'activation	ReLU
Taux de dropout	0.5
Taille du filtre	3×3
Taille de pooling	2×2

Pendant le processus d'entraînement, les taux d'accuracy et de perte du modèle CNN avec et sans mécanisme d'attention ont été enregistrés pendant 30 époques, comme illustré dans les Figures 5.8 et 5.9 respectivement.

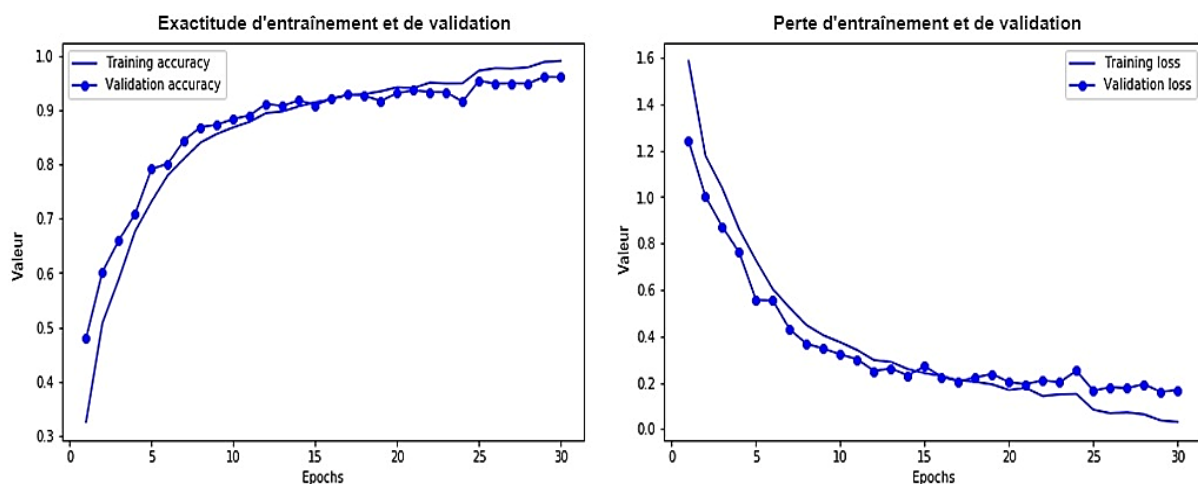


Figure 5.8. Courbes d'accuracy d'entraînement et de validation ainsi que de perte pour le modèle CNN avec mécanisme d'attention.

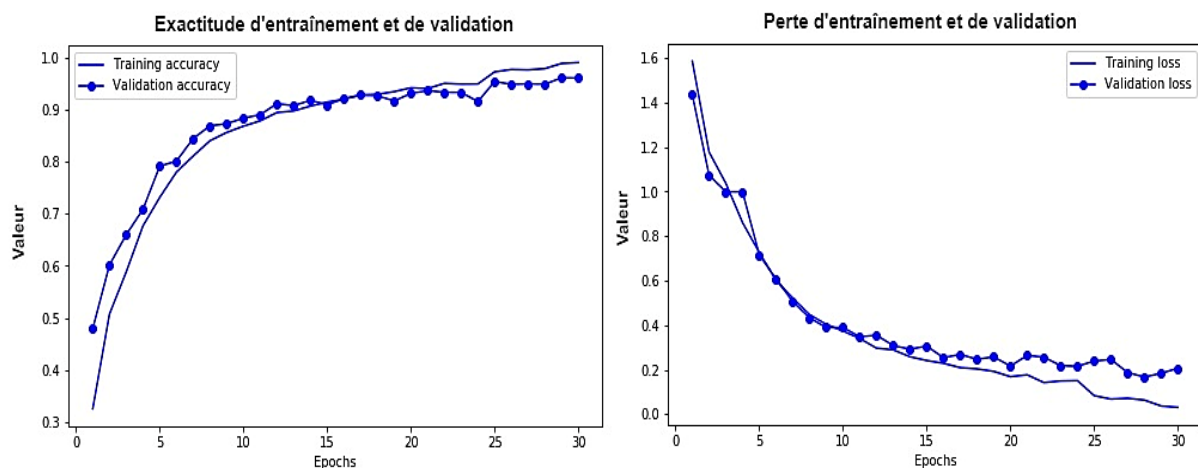


Figure 5.9. Courbes d'accuracy d'entraînement et de validation ainsi que de perte pour le modèle CNN sans mécanisme d'attention.

Les courbes d'accuracy d'entraînement et de validation dépeignent le progrès d'apprentissage du modèle, tandis que la courbe de perte indique sa convergence. De plus, la performance du modèle CNN avec et sans mécanisme d'attention a été évaluée, et les résultats détaillés sont présentés dans le Tableau 5.3.

Tableau 5.3. Comparaison des performances du modèle CNN avec et sans l'intégration d'un mécanisme d'attention pour la classification des cancers de la peau.

Modèle	Accuracy %	Précision %	F-mesure %	Sensibilité %
CNN avec mécanisme d'attention	94.86	94.87	94.86	94.91
CNN sans mécanisme d'attention	93.08	93.27	93.05	93.16

Les résultats de classification du cancer de la peau obtenus par le modèle CNN avec mécanisme d'attention soulignent son potentiel en tant qu'outil précieux pour l'extraction précise de caractéristiques à partir d'images de cancer de la peau, par rapport à celui sans mécanisme d'attention. Ce modèle démontre une supériorité notable, affichant un taux d'accuracy de 94.86%, contre 93.08% pour le modèle sans mécanisme d'attention. Les valeurs de précision (94.87%), de F-mesure (94.86%) et de sensibilité (94.91%) confirment également l'efficacité du modèle avec mécanisme d'attention à réduire les erreurs de faux positifs et faux négatifs.

Après la phase d'entraînement, le modèle enrichi d'un mécanisme d'attention extrait 256 caractéristiques distinctes pour chaque image d'entrée. Les caractéristiques tirées des 37 548 images d'entraînement et des 9 387 images de test sont utilisées pour former les ensembles de données d'entraînement et de test. Ces ensembles sont ensuite utilisés par les modèles lors de la phase de remémoration pour effectuer la classification du cancer de la peau.

5.3.2 Performance de la phase de remémoration suggérée

Dans cette sous-section, nous présentons les résultats obtenus au cours de la phase de remémoration du système de Raisonement à Partir de Cas (RàPC) appliqué à la classification du cancer de la peau. Avant de discuter ces résultats, une comparaison est effectuée entre le modèle standard de Deep Forest et sa version modifiée, en mettant l'accent uniquement sur la structure en cascade de forêts dans les deux modèles. Les performances de ces deux modèles sont analysées en fonction de diverses configurations, notamment le nombre de couches (NL) dans la cascade et le nombre d'arbres par classificateur (NTC) dans chaque couche, comme présenté dans les Tableaux 5.4 et 5.5.

Tableau 5.4. Analyse des performances du modèle Deep Forest standard pour la classification des cancers cutanés.

Modèle	Deep forest standard					
	NL=10, NTC=50	NL=10, NTC=100	NL=50, NTC=50	NL=50, NTC=100	NL=100, NTC=50	NL=100, NTC=100
Accuracy %	91.22	91.11	91.24	93.04	90.31	90.13
Précision %	91.79	91.72	91.73	93.45	90.41	90.26
F-mesure %	91.21	91.10	91.22	92.92	90.28	90.10
Sensibilité %	91.27	91.17	91.29	93.09	90.38	90.20

Tableau 5.5. Analyse des performances du modèle Deep Forest ajusté pour la classification du cancer cutané.

Modèle	Deep forest Modifié					
	NL=10, NTC=50	NL=10, NTC=100	NL=50, NTC=50	NL=50, NTC=100	NL=100, NTC=50	NL=100, NTC=100
Accuracy %	94.80	94.99	94.80	94.63	94.35	95.40
Précision %	94.87	95.07	94.87	94.73	94.51	95.49
F-mesure %	94.77	94.96	94.77	94.60	94.34	95.38
Sensibilité %	94.84	95.03	94.84	94.67	94.39	95.44

D'après le Tableau 5.4, nous constatons que le modèle standard montre une performance raisonnable à travers différentes configurations, atteignant des valeurs d'accuracy allant de 90.13 % à 93.04 %, accompagnées de scores de précision, de F-mesure et de sensibilité cohérents. En contraste, le modèle modifié surpasse systématiquement le modèle standard, atteignant des valeurs d'accuracy plus élevées, allant de 94.35% à 95.40 %, comme présenté dans le Tableau 5.5. Les valeurs de précision, de F-mesure et de sensibilité pour le modèle modifié montrent également des améliorations notables par rapport au modèle standard. De plus, la Figure 5.10 fournit une visualisation graphique comparant les prédictions correctes et incorrectes des deux modèles pour NL=100 et NTC=100, soulignant la performance supérieure du modèle modifié.

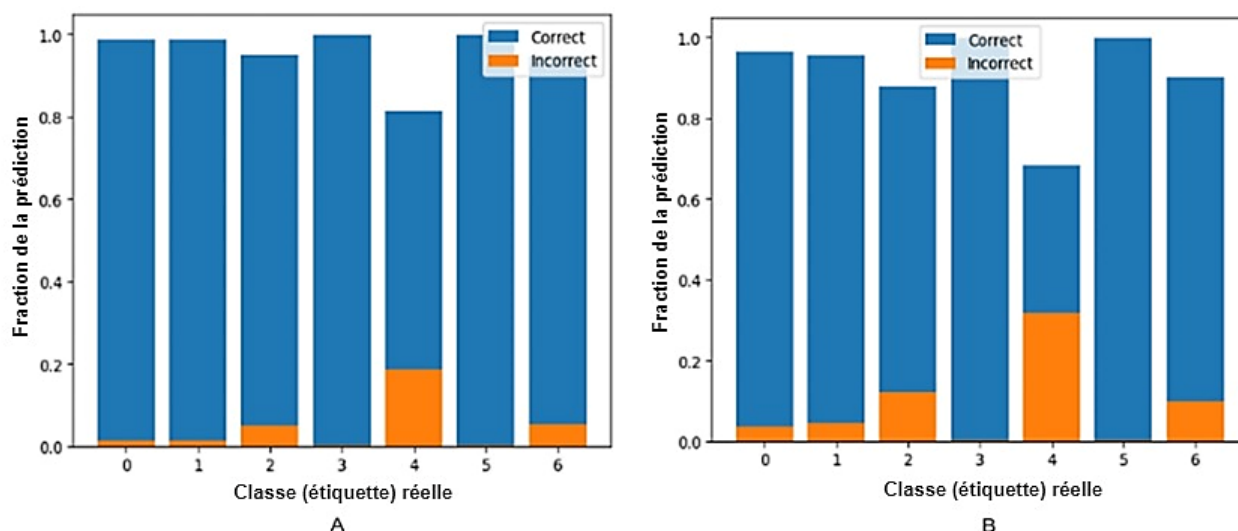


Figure 5.10. (A) Prédictions du modèle de deep forest modifié pour NL=100, NTC=100, (B) Prédictions du modèle de deep forest standard pour NL=100, NTC=100.

L'amélioration des performances du modèle ajusté est due à sa structure hybride, qui intègre d'abord des modèles XGBoost dans une couche initiale, suivie par des modèles de forêt aléatoire dans les couches suivantes. L'utilisation des modèles XGBoost dans la couche initiale permet au modèle de bénéficier du boosting par gradient, ce qui aide à gérer des problèmes comme le surajustement et la disparition du gradient. En conséquence, le modèle modifié peut capter des motifs et des relations complexes dans les données, menant à une précision accrue et à une robustesse améliorée dans la classification du cancer de la peau. De plus, les couches subséquentes du modèle modifié, utilisant l'approche de forêt aléatoire, complètent les forces des modèles XGBoost en appliquant l'approche d'apprentissage d'ensemble, améliorant la précision de la classification. Cette combinaison d'approches diversifiées d'apprentissage automatique permet au modèle

modifié d'aborder efficacement les défis associés à la classification du cancer de la peau, tels que la distinction de différences subtiles entre les lésions cutanées similaires.

Pour évaluer de manière exhaustive l'efficacité de l'approche proposée, nous avons réalisé une comparaison avec d'autres classificateurs reconnus, y compris les modèles SVM, KNN, XGBoost, et RF. Les résultats de cette comparaison sont détaillés dans le Tableau 5.6. Par ailleurs, pour analyser l'effet de l'application de la technique SMOTE sur les performances des classificateurs, nous avons entraîné et évalué ces modèles sur des échantillons générés à partir de l'ensemble de données déséquilibré HAM10000. Les résultats obtenus sont récapitulés dans le Tableau 5.7.

Tableau 5.6. Résultats des performances des modèles employés lors de la phase de remémoration pour la classification des cancers cutanés.

Modèle	Accuracy%	Précision %	F-mesure %	Sensibilité%
SVM	94.41	94.45	94.40	94.45
KNN	94.59	94.82	94.52	94.63
XGBoost	95.03	95.09	95.01	95.07
RF	91.45	91.89	91.44	91.53
Deep Forest Standard	93.04	93.45	92.92	93.09
Deep Forest Modifié	95.40	95.49	95.38	95.44

Tableau 5.7. Résultats des performances des modèles utilisés dans la phase de remémoration pour la classification du cancer de la peau en utilisant une base de cas à partir de l'ensemble de données déséquilibré HAM10000.

Modèle	Accuracy%	Précision %	F-mesure %	Sensibilité%
SVM	75.63	51.21	47.82	46.07
KNN	72.79	47.45	44.87	44.14
XGBoost	75.23	62.11	47.99	46.29
RF	75.78	50.88	45.13	42.39
Deep Forest Standard	75.73	53.50	47.27	43.75
Deep Forest Modifié	76.28	57.69	48.76	46.53

Comme l'illustrent les Tableaux 9 et 10, notre méthode surpasse les autres modèles évalués pour la classification du cancer de la peau, y compris le modèle robuste XGBoost. Cette supériorité est observée tant sur la base de cas générée à partir de l'ensemble de données équilibré HAM-SM, traité avec SMOTE (Tableau 5.6), que sur la base de cas provenant de l'ensemble de données déséquilibré HAM10000 (Tableau 5.7). Dans le cas de la base de cas issue de l'ensemble de données équilibré HAM-SM, notre approche atteint des performances exceptionnelles, avec un accuracy de 95.40 %, une précision de 95.49 %, un F-mesure de 95.38 % et une sensibilité de 95.44 %. Bien que le modèle XGBoost affiche également d'excellents résultats, notre méthode le surpasse de façon marginale sur toutes les métriques évaluées. Cette légère supériorité suggère que notre architecture en cascade parvient à capturer des motifs et des relations subtils qui échappent à un modèle unique, même aussi performant que XGBoost.

La supériorité de notre approche est encore plus manifeste avec la base de cas issue de l'ensemble de données déséquilibré HAM10000. Dans ce cadre, notre méthode conserve des performances nettement supérieures à celles de XGBoost et des autres modèles testés, réalisant un accuracy de 76.28 %, une précision de 57.69 %, un score F1 de 48.76 % et une sensibilité de 46.53 %.

5.3.3 Analyse comparative des performances pour la classification du cancer de la peau

Ces dernières années, de nombreuses études ont été consacrées à la classification automatique du cancer de la peau à partir d'images dermatoscopiques. Cette section vise à réaliser une analyse comparative des performances rapportées dans la littérature, en se focalisant spécifiquement sur les travaux exploitant le jeu de données HAM10000 pour la classification du cancer de la peau.

Le Tableau 5.8 synthétise les approches utilisées et les performances réalisées par ces différentes recherches.

Tableau 5.8. Comparaison des performances d'études similaires dans la littérature sur l'ensemble de données HAM10000.

Référence	Approche (modèles utilisés)	Ensemble de données	Accuracy %
(Reddy, 2018)	ResNet50	HAM10000	83.1
(Pratiwi et al., 2019)	VGG-19	HAM10000	87.64
(Chaturvedi, Gupta, et al., 2020)	MobileNet	HAM10000	83.1
(Polat & Koc, 2020)	CNN (various models)	HAM10000	77 (méthode 1), 92.90 (méthode 2)
(Thurnhofer-Hemsi & Dominguez, 2020)	DenseNet201, GoogLeNet, Inception-ResNetV2, InceptionV3, MobileNetV2	HAM10000	95(classification binaire), 95 (classification multi classes)
(Chaturvedi, Tembhumne, et al., 2020)	InceptionV3, ResNeXt101, InceptionResNetV2, Xception, NASNetLarge	HAM10000	93.20 (ResNeXt101), 92.83(InceptionResNetV2+ ResNeXt101)
(Shete et al., 2021)	CNN (ResNet with transfer learning)	HAM10000	90.51
(Mehra et al., 2021)	ResNet-50	HAM10000	84.87
(Alam et al., 2022)	AlexNet, InceptionV3, RegNetY-320	HAM10000	91 (RegNetY-320)
(Bozkurt, 2023)	Inception-Resnet-v2	HAM10000	83.59 sans aug, 95.09 avec aug
Notre approche	RàPC utilisant Deep forest modifier	HAM10000	95.40

D'après le Tableau 5.8, nous observons que des modèles tels que ResNet50 (Reddy, 2018), VGG19 (Pratiwi et al., 2019) ou MobileNet (Chaturvedi, Gupta, et al., 2020) ont permis d'atteindre une précision comprise entre 83 % et 87 %. Les optimisations sur les modèles CNN (Polat & Koc, 2020) ou l'utilisation de modèles plus complexes tels que ResNeXt101 et InceptionResNetV2+ResNeXt101 (Chaturvedi, Tembhumne, et al., 2020) ont progressivement augmenté les performances jusqu'à 92-93 %.

Récemment, l'approche de Bozkurt (Bozkurt, 2023), qui exploite l'augmentation des données avec un modèle CNN de type Inception-Resnet-v2, se distingue en atteignant 95,09 % de précision. Comparant ces travaux à notre approche, nous constatons que notre proposition se classe parmi les meilleures méthodes, avec une précision de 95.40 %, confirmant sa pertinence pour la classification du cancer de la peau.

Notre méthode se distingue par sa robustesse et son efficacité grâce à l'utilisation d'un modèle CNN avec un mécanisme d'attention pour l'extraction des caractéristiques, associé à un modèle Deep Forest (DF) modifié pour la classification.

Nous avons choisi de ne pas intégrer la structure de Balayage Multi-Granulaire du modèle Deep Forest modifié pour l'extraction des caractéristiques, privilégiant un CNN avec mécanisme d'attention, pour plusieurs raisons. Premièrement, le mécanisme d'attention permet au CNN de se concentrer sur des régions ou caractéristiques spécifiques dans les images d'entrée, pertinentes pour la tâche de classification.

Deuxièmement, contrairement au balayage Multi-Granulaire, qui peut introduire une complexité computationnelle en analysant l'entrée à plusieurs échelles, l'intégration d'un mécanisme d'attention au sein du CNN permet de concentrer sélectivement les ressources computationnelles sur les parties les plus informatives de l'image, optimisant ainsi l'efficacité globale.

Les images de cancer de la peau montrent une grande diversité en ce qui concerne la taille, la localisation et l'aspect des lésions. La nature adaptative du mécanisme d'attention permet une concentration dynamique sur différentes régions, améliorant ainsi la robustesse et la capacité du modèle DF modifié à gérer diverses caractéristiques des lésions, ce qui renforce la performance de généralisation du modèle.

5.4 Conclusion

La phase de remémoration dans le cycle de raisonnement basé sur les cas est essentielle pour trouver des solutions efficaces à des problèmes spécifiques, et sa performance dépend fortement de la qualité des cas présents dans la base de données. Pour améliorer cette phase critique dans la classification du cancer de la peau, dont l'incidence a considérablement augmenté ces dernières années, nous avons d'abord préparé les ensembles de données d'entraînement et de test en utilisant le jeu de données HAM10000, qui porte sur les lésions cutanées. Nous avons ensuite mis en œuvre un réseau de neurones convolutionnel avec un mécanisme d'attention douce pour extraire des caractéristiques pertinentes. Ces caractéristiques ont été utilisées pour constituer les bases de cas, où chaque cas dans la base de cas d'entraînement est défini par un ensemble de caractéristiques correspondant à une image, tandis que sa solution correspond à la classe diagnostique associée.

De plus, nous avons enrichi la phase de remémoration en intégrant un modèle de deep forest modifié, spécifiquement adapté à la classification du cancer de la peau. Cette intégration a été évaluée en comparaison avec d'autres classificateurs, y compris le modèle de deep forest standard, ainsi que les méthodes SVM, KNN ($k=5$), RF, et XGBoost. Les expérimentations réalisées ont confirmé l'efficacité supérieure de la stratégie proposée, utilisant le modèle de deep forest modifié. Elles ont démontré une amélioration significative de la performance de classification du cancer de la peau, non seulement par rapport aux classificateurs intégrés dans la phase de remémoration, mais aussi par rapport aux approches conventionnelles mentionnées dans la littérature.

CONCLUSION GÉNÉRALE
ET
PERSPECTIVES

Conclusion Générale et Perspectives

Dans cette thèse, nous avons exploré l'hybridation novatrice du raisonnement à partir de cas et de l'apprentissage profond appliquée au domaine médical, en s'attaquant à deux problématiques majeures de santé publique : les pathologies cardiovasculaires et cancers dermatologiques qui représentent actuellement un fardeau significatif en termes de mortalité à l'échelle mondiale d'après les données de l'Organisation Mondiale de la Santé [référence]. Les méthodologies développées ont permis de tirer parti des forces complémentaires de ces deux paradigmes de l'intelligence artificielle, afin d'améliorer la pratique clinique avec des résultats robustes, transparents et adaptés aux défis spécifiques posés par ces pathologies.

Pour la classification des maladies cardiaques, notre contribution principale a été d'améliorer de manière significative les performances de la phase de remémoration dans le cycle de raisonnement par cas. Nous avons développé une approche hybride innovante en combinant divers modèles d'apprentissage profond et automatique. Cette phase a été optimisée par une application rigoureuse des techniques de prétraitement des données, telles que la gestion des valeurs manquantes et la normalisation, ainsi que par la sélection de caractéristiques pertinentes à l'aide de l'algorithme Boruta. Une validation croisée stratifiée a été mise en œuvre afin d'entraîner et d'évaluer rigoureusement les différents modèles intégrés au sein de la phase de remémoration. Mais au-delà, un algorithme d'adaptation innovant a été conçu pour guider cette phase vers des solutions à la fois robustes et personnalisées pour chaque nouveau patient. Les résultats obtenus ont démontré la supériorité de cette approche hybride par rapport aux méthodes conventionnelles. L'intégration des modèles d'apprentissage profond et automatique, renforcée par l'algorithme d'adaptation, a permis d'atteindre des niveaux de performance inégalés pour la classification précise de la maladie cardiaque.

Notre deuxième contribution a ciblé la question de la classification des lésions cancéreuses cutanées. Nous visons à améliorer considérablement l'efficacité de la phase de remémoration dans le cycle de raisonnement pour ce diagnostic spécifique. Pour relever ce défi, nous avons conçu une approche hybride novatrice exploitant la puissance des modèles d'apprentissage profond pour une extraction optimale des caractéristiques pertinentes à partir d'images dermoscopiques. Un réseau de neurones convolutif intégrant un mécanisme d'attention a été développé spécifiquement pour cette tâche. Les caractéristiques extraites par ce modèle ont ensuite alimenté la création d'une base de cas riche et représentative. Au cœur de la phase de remémoration elle-même, nous avons intégré un ensemble de classificateurs récents et classiques d'apprentissage automatique. Un modèle de deep forest modifié a constitué l'élément central innovant de cette phase cruciale. Par ailleurs, une technique d'échantillonnage avancée a été appliquée afin d'équilibrer la distribution des classes au sein des données, améliorant ainsi les performances globales du système. Les

résultats obtenus ont démontré l'efficacité remarquable de cette hybridation, atteignant des niveaux de précision de classification du cancer de la peau parmi les plus élevés rapportés dans la littérature.

Néanmoins, malgré ces résultats encourageants, plusieurs pistes de recherche prometteuses restent à explorer pour consolider et étendre davantage les bénéfices de cette hybridation.

- Appliquer les méthodologies développées à d'autres pathologies afin d'évaluer leur généralisation et leur adaptabilité dans divers contextes cliniques.
- Intégrer des techniques d'interprétabilité et d'explicabilité avancées dans la phase d'adaptation pour accroître la transparence du processus décisionnel hybride et faciliter son adoption en milieu médical.

De plus, développer des interfaces utilisateur conviviales et intuitives pour faciliter l'interaction avec les systèmes hybrides proposés et favoriser leur utilisation par les praticiens

Références Bibliographiques

Références Bibliographiques

- Abraham, A. (2005). Artificial neural networks. *Handbook of measuring system design*.
- Aha, D. W., & Breslow, L. A. (1997). Refining conversational case libraries. *International Conference on Case-Based Reasoning*,
- Ahmed, H., Wong, M. D., & Nandi, A. K. (2018). Intelligent condition monitoring method for bearing faults from highly compressed measurements using sparse over-complete features. *Mechanical systems and signal processing*, 99, 459-477.
- Ahmed, M. U., Begum, S., Funk, P., Xiong, N., & Von Schéele, B. (2008). Case-based reasoning for diagnosis of stress using enhanced cosine and fuzzy similarity. *Transactions on Case-Based Reasoning for Multimedia Data*, 1(1), 3-19.
- Arik, S. Ö., Chrzanowski, M., Coates, A., Diamos, G., Gibiansky, A., Kang, Y., . . . Raiman, J. (2017). Deep voice: Real-time neural text-to-speech. *International conference on machine learning*,
- Ashley, K. D. (1988). Arguing by analogy in law: A case-based model. In *Analogical reasoning: Perspectives of artificial intelligence, cognitive science, and philosophy* (pp. 205-224). Springer.
- Bahls, D., & Roth-Berghofer, T. (2007). Explanation support for the case-based reasoning tool mycbr. *AAAI*,
- Barnett, A. J., Schwartz, F. R., Tao, C., Chen, C., Ren, Y., Lo, J. Y., & Rudin, C. (2021). Interpretable Mammographic Image Classification using Case-Based Reasoning and Deep Learning. *arXiv preprint arXiv:2107.05605*.
- Bentaiba-Lagrid, M. B., Bouzar-Benlabiod, L., Rubin, S. H., Bouabana-Tebibel, T., & Hanini, M. R. (2020). A case-based reasoning system for supervised classification problems in the medical field. *Expert Systems with Applications*, 150, 113335.
- Bichindaritz, I. (2008). Case-based reasoning in the health sciences: Why it matters for the health sciences and for CBR. *European Conference on Case-Based Reasoning*,
- Bonissone, P. P. (1997). Soft computing: the convergence of emerging reasoning technologies. *Soft computing*, 1, 6-18.
- Boureau, Y.-L., Ponce, J., & LeCun, Y. (2010). A theoretical analysis of feature pooling in visual recognition. *Proceedings of the 27th international conference on machine learning (ICML-10)*,
- Bouzar-Benlabiod, L., Harrar, K., Yamoun, L., Khodja, M. Y., & Akhloufi, M. A. (2023). A novel breast cancer detection architecture based on a CNN-CBR system for mammogram classification. *Computers in biology and medicine*, 163, 107133.
- Bozkurt, F. (2023). Skin lesion classification on dermatoscopic images using effective data augmentation and pre-trained deep learning approach. *Multimedia Tools and Applications*, 82(12), 18985-19003.
- Breiman, L. (2001). Random forests. *Machine learning*, 45, 5-32.
- Brown, D., Aldea, A., Harrison, R., Martin, C., & Bayley, I. (2018). Temporal case-based reasoning for type 1 diabetes mellitus bolus insulin decision support. *Artificial intelligence in medicine*, 85, 28-42.
- Castelvecchi, D. (2016). Can we open the black box of AI? *Nature News*, 538(7623), 20.
- Ceausu, V., & Despres, S. (2007). A semantic case-based reasoning framework for text categorization. *International Semantic Web Conference*,

- Chakraborty, S., Pal, C., Chatterjee, S., Chakraborty, B., & Ghoshal, N. (2015). Knowledge-based system architecture on CBR for detection of cholera disease. *Intelligent Computing and Applications: Proceedings of the International Conference on ICA*, 22-24 December 2014,
- Chaturvedi, S. S., Tembhrne, J. V., & Diwan, T. (2020). A multi-class skin Cancer classification using deep convolutional neural networks. *Multimedia Tools and Applications*, 79(39), 28477-28498.
- Cheplygina, V., de Bruijne, M., & Pluim, J. P. (2019). Not-so-supervised: a survey of semi-supervised, multi-instance, and transfer learning in medical image analysis. *Medical image analysis*, 54, 280-296.
- Choi, E., Bahadori, M. T., Song, L., Stewart, W. F., & Sun, J. (2017). GRAM: graph-based attention model for healthcare representation learning. *Proceedings of the 23rd ACM SIGKDD international conference on knowledge discovery and data mining*,
- Duan, J., Lin, Z., Jiao, F., Jiang, Y., & Chen, K. (2022). A dynamic case-based reasoning system for responding to infectious disease outbreaks. *Expert Systems with Applications*, 204, 117628.
- ENNAJI, M., BOUKACHOUR, H., & MACHKOUR, M. (2021). Collaborative tutoring architecture: A generic case based reasoning multi-agent. *International Journal of Information Science and Technology*, 5(2), 40-50.
- Faizal, E., & Hamdani, H. (2018). Weighted Minkowski similarity method with CBR for diagnosing cardiovascular disease. *International Journal of Advanced Computer Science and Applications*, 9(12).
- Fei, L., & Feng, Y. (2020). A novel retrieval strategy for case-based reasoning based on attitudinal Choquet integral. *Engineering Applications of Artificial Intelligence*, 94, 103791.
- Fiore, U., De Santis, A., Perla, F., Zanetti, P., & Palmieri, F. (2019). Using generative adversarial networks for improving classification effectiveness in credit card fraud detection. *Information Sciences*, 479, 448-455.
- Gao, X., Braden, B., Zhang, L., Taylor, S., Pang, W., & Petridis, M. (2019). Case-based reasoning of a deep learning network for prediction of early stage of oesophageal cancer. *Proceedings of the 24th UK Symposium on Case-Based Reasoning*,
- Gasmi, S., Djebbar, A., & Merouani, H. F. (2023). Boruta Feature Selection Method for Optimizing a Case-Based Reasoning Model to Predict Heart Disease. *International Journal of Pattern Recognition and Artificial Intelligence*, 37(14), 2351016.
- Gasmi, S., Djebbar, A., Merouani, H. F., & Djedi, H. (2024a). An Innovative CBR-Enhanced Approach for Skin Cancer Classification using Cascade Forest Model and Convolutional Neural Network with Attention Mechanism. *EAI Endorsed Transactions on Pervasive Health and Technology*, 10.
- Gasmi, S., Djebbar, A., Merouani, H. F. D., & Djedi, H. (2024b). Advancing skin cancer research with machine learning and deep learning models: A systematic review. *Journal of Pakistan Association of Dermatologists*, 34(2), 527-546.
- Gianfrancesco, M. A., Tamang, S., Yazdany, J., & Schmajuk, G. (2018). Potential biases in machine learning algorithms using electronic health record data. *JAMA internal medicine*, 178(11), 1544-1547.
- Golobardes, E., Llorca, X., Salamó, M., & Martí, J. (2002). Computer aided diagnosis with case-based reasoning and genetic algorithms. *Knowledge-based systems*, 15(1-2), 45-52.
- Grace, K., Maher, M. L., Wilson, D. C., & Najjar, N. A. (2016). Combining CBR and deep learning to generate surprising recipe designs. *Case-Based Reasoning Research and*

- Development: 24th International Conference, ICCBR 2016, Atlanta, GA, USA, October 31-November 2, 2016, Proceedings 24,
- Gulati, S., & Bhogal, R. K. (2019). Detection of malignant melanoma using deep learning. International conference on advances in computing and data sciences,
- Hammond, K. J. (1986). CHEF: A Model of Case-based Planning. AAAI,
- Haykin, S. (1998). *Neural networks: a comprehensive foundation*. Prentice Hall PTR.
- He, H., Huang, G., Zhang, B., & Qin, L. (2022). Research on Boruta-ET-based anomalous traffic detection model. *Security and Communication Networks*, 2022, 1-8.
- Hebb, D. O. (2005). *The organization of behavior: A neuropsychological theory*. Psychology press.
- Hinton, G. E., Srivastava, N., Krizhevsky, A., Sutskever, I., & Salakhutdinov, R. R. (2012). Improving neural networks by preventing co-adaptation of feature detectors. *arXiv preprint arXiv:1207.0580*.
- Hochreiter, S., & Schmidhuber, J. (1997). Long short-term memory. *Neural computation*, 9(8), 1735-1780.
- Jafarzadeh Ghouschi, S., Ranjbarzadeh, R., Najafabadi, S. A., Osgooei, E., & Tirkolaei, E. B. (2023). An extended approach to the diagnosis of tumour location in breast cancer using deep learning. *Journal of Ambient Intelligence and Humanized Computing*, 14(7), 8487-8497.
- Jalali, A., Lonsdale, H., Do, N., Peck, J., Gupta, M., Kutty, S., . . . Ahumada, L. M. (2020). Deep learning for improved risk prediction in surgical outcomes. *Scientific reports*, 10(1), 9289.
- Jia, F., Lei, Y., Lin, J., Zhou, X., & Lu, N. (2016). Deep neural networks: A promising tool for fault characteristic mining and intelligent diagnosis of rotating machinery with massive data. *Mechanical systems and signal processing*, 72, 303-315.
- Jiang, F., Jiang, Y., Zhi, H., Dong, Y., Li, H., Ma, S., . . . Wang, Y. (2017). Artificial intelligence in healthcare: past, present and future. *Stroke and vascular neurology*, 2(4).
- Jiang, Z., Jiang, Y., Wang, Y., Zhang, H., Cao, H., & Tian, G. (2019). A hybrid approach of rough set and case-based reasoning to remanufacturing process planning. *Journal of Intelligent Manufacturing*, 30, 19-32.
- Jiji, G. W., Rajesh, A., & Raj, P. J. D. (2020). Decision support techniques for dermatology using case-based reasoning. *International Journal of Image and Graphics*, 20(03), 2050024.
- John-Mathews, J.-M., Panza, M., & Logique, P. (2018). L'interprétabilité en apprentissage machine.
- Juan, Y., Lefortier, D., & Chapelle, O. (2017). Field-aware factorization machines in a real-world online advertising system. Proceedings of the 26th International Conference on World Wide Web Companion,
- Jubier Ali, M., Chandra Das, B., Saha, S., Biswas, A. A., & Chakraborty, P. (2022). A comparative study of machine learning algorithms to detect cardiovascular disease with feature selection method. In *Machine Intelligence and Data Science Applications: Proceedings of MIDAS 2021* (pp. 573-586). Springer.
- Jurisica, I., Mylopoulos, J., Glasgow, J., Shapiro, H., & Casper, R. F. (1998). Case-based reasoning in IVF: Prediction and knowledge mining. *Artificial intelligence in medicine*, 12(1), 1-24.
- Keane, M. T. (1988). Where's the beef? the absence of pragmatic factors in pragmatic theories of analogy. Proceedings of the 8th European conference on Artificial Intelligence,
- Keane, M. T., Kenny, E. M., Temraz, M., Greene, D., & Smyth, B. (2021). Twin systems for deepcbr: A menagerie of deep learning and case-based reasoning pairings for explanation and data augmentation. *arXiv preprint arXiv:2104.14461*.

- Khaire, U. M., & Dhanalakshmi, R. (2022). Stability of feature selection algorithm: A review. *Journal of King Saud University-Computer and Information Sciences*, 34(4), 1060-1073.
- Khan, I., & Mondal, M. R. H. (2020). Data-driven diagnosis of heart disease. *International Journal of Computer Applications*, 176(41), 46-54.
- Khan, M. J., Hayat, H., & Awan, I. (2019). Hybrid case-base maintenance approach for modeling large scale case-based reasoning systems. *Human-centric Computing and Information Sciences*, 9, 1-25.
- Kingma, D. P., & Welling, M. (2013). Auto-encoding variational bayes. *arXiv preprint arXiv:1312.6114*.
- Kitano, H. (1993). Challenges of massive parallelism. Proceedings of the 13th International Joint Conference on Artificial Intelligence,
- Kohonen, T. (1990). The self-organizing map. *Proceedings of the IEEE*, 78(9), 1464-1480.
- Kolodner, J. (2014). *Case-based reasoning*. Morgan Kaufmann.
- Kolodner, J. L. (1992). An introduction to case-based reasoning. *Artificial intelligence review*, 6(1), 3-34.
- Kolodner, J. L., & Leake, D. (1996). A tutorial introduction to case-based reasoning.
- Kooi, T., Litjens, G., Van Ginneken, B., Gubern-Mérida, A., Sánchez, C. I., Mann, R., . . . Karssemeijer, N. (2017). Large scale deep learning for computer aided detection of mammographic lesions. *Medical image analysis*, 35, 303-312.
- Koton, P. (1989). A medical reasoning program that improves with experience. *Computer Methods and Programs in Biomedicine*, 30(2-3), 177-184.
- Koton, P. A. (1988). *Using experience in learning and problem solving* [Massachusetts Institute of Technology].
- Kouser, R. R., Manikandan, T., & Kumar, V. V. (2018). Heart disease prediction system using artificial neural network, radial basis function and case based reasoning. *Journal of computational and theoretical nanoscience*, 15(9-10), 2810-2817.
- Lamontagne, L., & Lapalme, G. (2004). Textual reuse for email response. European Conference on Case-Based Reasoning,
- Lamy, J.-B., Sekar, B., Guezennec, G., Bouaud, J., & Séroussi, B. (2019). Explainable artificial intelligence for breast cancer: A visual case-based reasoning approach. *Artificial intelligence in medicine*, 94, 42-53.
- Lapp, D. (2019). *Heart Disease Dataset*. (<https://www.kaggle.com/datasets/johnsmith88/heart-disease-dataset>)
- Leake, D. B. (1996a). *Case-based reasoning: Experiences, lessons and future directions*. MIT press.
- Leake, D. B. (1996b). CBR in context: The present and future. *Case-based reasoning: Experiences, lessons, and future directions*, 3-30.
- LeCun, Y., Kavukcuoglu, K., & Faret, C. (2010). Convolutional networks and applications in vision. Proceedings of 2010 IEEE international symposium on circuits and systems,
- Lee, J., Davari, H., Singh, J., & Pandhare, V. (2018). Industrial Artificial Intelligence for industry 4.0-based manufacturing systems. *Manufacturing letters*, 18, 20-23.
- Lévy, D., & Jain, A. (2016). Breast mass classification from mammograms using deep convolutional neural networks. *arXiv preprint arXiv:1612.00542*.
- Li, J., Lin, S., Yu, K., & Guo, G. (2022). Quantum K-nearest neighbor classification algorithm based on Hamming distance. *Quantum Information Processing*, 21(1), 1-17.
- Li, O., Liu, H., Chen, C., & Rudin, C. (2018). Deep learning for case-based reasoning through prototypes: A neural network that explains its predictions. Proceedings of the AAAI Conference on Artificial Intelligence,
- Li, Y. (2017). Deep reinforcement learning: An overview. *arXiv preprint arXiv:1701.07274*.

- Lieber, J., Fuchs, B., Mille, A., & Napoli, A. (2006). Une première formalisation de la phase d'élaboration du raisonnement à partir de cas. 14ème atelier francophone de raisonnement à partir de cas,
- Lilhore, U. K., Dalal, S., Faujdar, N., Margala, M., Chakrabarti, P., Chakrabarti, T., . . . Velmurugan, H. (2023). Hybrid CNN-LSTM model with efficient hyperparameter tuning for prediction of Parkinson's disease. *Scientific reports*, *13*(1), 14605.
- Lipton, Z. C. (2018). The mythos of model interpretability: In machine learning, the concept of interpretability is both important and slippery. *Queue*, *16*(3), 31-57.
- Lipton, Z. C., Kale, D. C., Elkan, C., & Wetzell, R. (2015). Learning to diagnose with LSTM recurrent neural networks. *arXiv preprint arXiv:1511.03677*.
- Litjens, G., Kooi, T., Bejnordi, B. E., Setio, A. A. A., Ciompi, F., Ghafoorian, M., . . . Sánchez, C. I. (2017). A survey on deep learning in medical image analysis. *Medical image analysis*, *42*, 60-88.
- Liu, X., Faes, L., Kale, A. U., Wagner, S. K., Fu, D. J., Bruynseels, A., . . . Kern, C. (2019). A comparison of deep learning performance against health-care professionals in detecting diseases from medical imaging: a systematic review and meta-analysis. *The Lancet Digital Health*, *1*(6), e271-e297.
- López-Sánchez, D., Corchado, J. M., & Arrieta, A. G. (2017). A CBR system for image-based webpage classification: case representation with convolutional neural networks. The Thirtieth International Flairs Conference,
- Louati, A., Louati, H., & Li, Z. (2021). Deep learning and case-based reasoning for predictive and adaptive traffic emergency management. *The Journal of Supercomputing*, *77*, 4389-4418.
- Macura, R. T., & Macura, K. J. (1995). MacRad: Case-based retrieval system for radiology image resource. Proceedings of ICCBR,
- Maher, M. L., Balachandran, M. B., & Zhang, D. M. (2014). *Case-based reasoning in design*. Psychology Press.
- Maher, M. L., & Pu, P. (1997). Issues and Applications of Case Based Reasoning to Design. In: L. Erlbaum Associates Inc.
- Maiga, J., & Hungilo, G. G. (2019). Comparison of machine learning models in prediction of cardiovascular disease using health record data. 2019 international conference on informatics, multimedia, cyber and information system (ICIMCIS),
- Main, J., Dillon, T. S., & Shiu, S. C. (2001). A tutorial on case based reasoning. *Soft computing in case based reasoning*, 1-28.
- Majeed, R. F., Saeed, S. A. M., Abdilkarim, D. A., & Sidqi, H. M. (2020). Skin Tumors Diagnosis Utilizing Case Based Reasoning and The Expert System. *Kurdistan Journal of Applied Research*, *5*(1), 96-114.
- Marcus, G. (2018). Deep learning: A critical appraisal. *arXiv preprint arXiv:1801.00631*.
- McCulloch, W. S., & Pitts, W. (1943). A logical calculus of the ideas immanent in nervous activity. *The bulletin of mathematical biophysics*, *5*, 115-133.
- Medsker, L. R. (2012). *Hybrid intelligent systems*. Springer Science & Business Media.
- Mehmood, A., Iqbal, M., Mehmood, Z., Irtaza, A., Nawaz, M., Nazir, T., & Masood, M. (2021). Prediction of heart disease using deep convolutional neural networks. *Arabian Journal for Science and Engineering*, *46*(4), 3409-3422.
- Mehra, A., Bhati, A., Kumar, A., & Malhotra, R. (2021). Skin cancer classification through transfer learning using ResNet-50. In *Emerging Technologies in Data Mining and Information Security: Proceedings of IEMIS 2020, Volume 2* (pp. 55-62). Springer.
- Miao, K. H., & Miao, J. H. (2018). Coronary heart disease diagnosis using deep neural networks. *International Journal of Advanced Computer Science and Applications*, *9*(10).

- Miotto, R., Wang, F., Wang, S., Jiang, X., & Dudley, J. T. (2018). Deep learning for healthcare: review, opportunities and challenges. *Briefings in bioinformatics*, 19(6), 1236-1246.
- Montazer, G. A., Giveki, D., Karami, M., & Rastegar, H. (2018). Radial basis function neural networks: A review. *Comput. Rev. J*, 1(1), 52-74.
- Nasiri, S., Helsper, J., Jung, M., & Fathi, M. (2018). Enriching a CBR recommender system by classification of skin lesions using deep neural networks. Workshop Proceedings (CBRDL: Case-Based Reasoning and Deep Learning) of the 26th International Conference on Case-Based Reasoning (ICCBR 2018). Stockholm,
- Nenova, Z., & Shang, J. (2022). Chronic disease progression prediction: Leveraging case-based reasoning and big data analytics. *Production and Operations Management*, 31(1), 259-280.
- Oh, S. L., Hagiwara, Y., Raghavendra, U., Yuvaraj, R., Arunkumar, N., Murugappan, M., & Acharya, U. R. (2020). A deep learning approach for Parkinson's disease diagnosis from EEG signals. *Neural Computing and Applications*, 32, 10927-10933.
- Ouali, Y., Hudelot, C., & Tami, M. (2020). An overview of deep semi-supervised learning. *arXiv preprint arXiv:2006.05278*.
- Oxman, R. E. (1996). Case-based design support: Supporting architectural composition through precedent libraries. *Journal of Architectural and Planning research*, 242-255.
- Patel, V. L., Arocha, J. F., & Kaufman, D. R. (1999a). Expertise and tacit knowledge in medicine. *Tacit knowledge in professional practice: Researcher and practitioner perspectives*, 75-99.
- Patel, V. L., Arocha, J. F., & Kaufman, D. R. (1999b). Expertise and tacit knowledge in medicine. In *Tacit knowledge in professional practice* (pp. 89-114). Psychology Press.
- Perva, F., Tucaković, H., Mušanović, M., & Yaman, E. (2022). Prediction of cardiovascular disease. 2022 XXVIII International Conference on Information, Communication and Automation Technologies (ICAT),
- Piccialli, F., Di Somma, V., Giampaolo, F., Cuomo, S., & Fortino, G. (2021). A survey on deep learning in medicine: Why, how and when? *Information Fusion*, 66, 111-137.
- Polat, K., & Koc, K. O. (2020). Detection of skin diseases from dermoscopy image using the combination of convolutional neural network and one-versus-all. *Journal of Artificial Intelligence and Systems*, 2(1), 80-97.
- Pratiwi, R. A., Nurmaini, S., & Rini, D. P. (2019). Skin lesion classification based on convolutional neural networks. *Computer Engineering and Applications Journal*, 8(3), 203-216.
- Prentzas, J., & Hatzilygeroudis, I. (2009). Combinations of case-based reasoning with other intelligent methods. *International Journal of Hybrid Intelligent Systems*, 6(4), 189-209.
- Ravi, D., Wong, C., Deligianni, F., Berthelot, M., Andreu-Perez, J., Lo, B., & Yang, G.-Z. (2016). Deep learning for health informatics. *IEEE journal of biomedical and health informatics*, 21(1), 4-21.
- Rawat, D., Sharma, S., & Bhadula, S. (2023). Case Based Reasoning Technique in Digital Diagnostic System for Lung Cancer Detection. 2023 8th International Conference on Communication and Electronics Systems (ICCES),
- Rawat, W., & Wang, Z. (2017). Deep convolutional neural networks for image classification: A comprehensive review. *Neural computation*, 29(9), 2352-2449.
- Reddy, N. D. (2018). Classification of dermoscopy images using deep learning. *arXiv preprint arXiv:1808.01607*.
- Reddy, T. S. E., Sripathi, S. R., Akula, D., Palaniswamy, S., & Subramani, R. (2022). Cardiovascular Disease Prediction using Machine Learning and Deep Learning. 2022 6th International Conference on Computation System and Information Technology for Sustainable Solutions (CSITSS),

- Rodrigues, D. d. A., Ivo, R. F., Satapathy, S. C., Wang, S., Hemanth, J., & Reboucas Filho, P. P. (2020). A new approach for classification skin lesion based on transfer learning, deep learning, and IoT system. *Pattern Recognition Letters*, 136, 8-15.
- Sampaio, L. N., de AR Tedesco, P. C., Monteiro, J. A., & Cunha, P. R. (2014). A knowledge and collaboration-based CBR process to improve network performance-related support activities. *Expert Systems with Applications*, 41(11), 5466-5482.
- Sani, S., Wiratunga, N., & Massie, S. (2017). Learning deep features for kNN-based human activity recognition.
- Schmidt, R., & Gierl, L. (2000). Case-based reasoning for medical knowledge-based systems. In *Medical Infobahn for Europe* (pp. 720-725). IOS Press.
- Sharma, P., Gautam, A., Nayak, R., & Balabantaray, B. K. (2022). Melanoma Detection using Advanced Deep Neural Network. 2022 4th International Conference on Energy, Power and Environment (ICEPE),
- Sharma, S., & Parmar, M. (2020). Heart diseases prediction using deep learning neural network model. *International Journal of Innovative Technology and Exploring Engineering (IJITEE)*, 9(3), 2244-2248.
- Shete, A. S., Rane, A. S., Gaikwad, P. S., & Patil, M. H. (2021). DETECTION OF SKIN CANCER USING CNN ALGORITHM. *INTERNATIONAL JOURNAL*, 6(5).
- Shickel, B., Tighe, P. J., Bihorac, A., & Rashidi, P. (2017). Deep EHR: a survey of recent advances in deep learning techniques for electronic health record (EHR) analysis. *IEEE journal of biomedical and health informatics*, 22(5), 1589-1604.
- Siegelmann, H. T., & Sontag, E. D. (1992). On the computational power of neural nets. Proceedings of the fifth annual workshop on Computational learning theory,
- Smith, E. E., Adams, N., & Schorr, D. (1978). Fact retrieval and the paradox of interference. *Cognitive Psychology*, 10(4), 438-464.
- Smyth, B., & McClave, P. (2001). Similarity vs. diversity. International conference on case-based reasoning,
- Sollenborn, M. (2004). *Clustering and Case-Based Reasoning for User Stereotypes*. Citeseer.
- Srivastava, N., Hinton, G., Krizhevsky, A., Sutskever, I., & Salakhutdinov, R. (2014). Dropout: a simple way to prevent neural networks from overfitting. *The journal of machine learning research*, 15(1), 1929-1958.
- Suyama, T., & Yokoyama, S. (2019). Clustering of primordial black holes with non-Gaussian initial fluctuations. *Progress of Theoretical and Experimental Physics*, 2019(10), 103E102.
- Takeuchi, M., Seto, T., Hashimoto, M., Ichihara, N., Morimoto, Y., Kawakubo, H., . . . Miyata, H. (2021). Performance of a deep learning-based identification system for esophageal cancer from CT images. *Esophagus*, 18, 612-620.
- Tariq, A., Yan, J., Gagnon, A. S., Riaz Khan, M., & Mumtaz, F. (2023). Mapping of cropland, cropping patterns and crop types by combining optical remote sensing images with decision tree classifier and random forest. *Geo-spatial Information Science*, 26(3), 302-320.
- Teodorović, D., Šelmić, M., & Mijatović-Teodorović, L. (2013). Combining case-based reasoning with Bee Colony Optimization for dose planning in well differentiated thyroid cancer treatment. *Expert Systems with Applications*, 40(6), 2147-2155.
- Tomov, N.-S., & Tomov, S. (2018). On deep neural networks for detecting heart disease. *arXiv preprint arXiv:1808.07168*.
- Tulving, E. (1972). Episodic and semantic memory. *Organization of memory*, 1(381-403), 1.
- Turner, J., Floyd, M. W., Gupta, K., & Oates, T. (2019). Nod-cc: A hybrid cbr-cnn architecture for novel object discovery. Case-Based Reasoning Research and Development: 27th

- International Conference, ICCBR 2019, Otzenhausen, Germany, September 8–12, 2019, Proceedings 27,
- Ulianova, S. (2019). Cardiovascular Disease dataset. <https://www.kaggle.com/datasets/sulianova/cardiovascular-disease-dataset>
- Valpola, H. (2015). From neural PCA to deep unsupervised learning. In *Advances in independent component analysis and learning machines* (pp. 143-171). Elsevier.
- Venkataraman, S., Krishnan, R., & Rao, K. (1993). A rule-rule-case based system for image analysis. First European Workshop on Case-Based Reasoning,
- Vishraj, R., Gupta, S., & Singh, S. (2023). Evaluation of feature selection methods utilizing random forest and logistic regression for lung tissue categorization using HRCT images. *Expert systems*, 40(8), e13320.
- Wan, S., Li, D., Gao, J., & Li, J. (2019). A knowledge based machine tool maintenance planning system using case-based reasoning techniques. *Robotics and Computer-Integrated Manufacturing*, 58, 80-96.
- Weber, R., & Richter, M. (2013). Case-Based Reasoning: A Text Book. In: Berlin: Springer-Verlag.
- Wilson, A. C., Roelofs, R., Stern, M., Srebro, N., & Recht, B. (2017). The marginal value of adaptive gradient methods in machine learning. *Advances in neural information processing systems*, 30.
- Wittgenstein, L. (1953). Philosophical Investigations. Blackwells. *Locus classicus for linguistic analysis*, 232.
- Wolpert, D. H. (1992). Stacked generalization. *Neural networks*, 5(2), 241-259.
- Yang, X. (2020). An overview of the attention mechanisms in computer vision. *Journal of Physics: Conference Series*,
- Ye, X., Zhao, Z., Leake, D., Wang, X., & Crandall, D. (2021). Applying the Case Difference Heuristic to Learn Adaptations from Deep Network Features. *arXiv preprint arXiv:2107.07095*.
- Zhang, J., Xie, Y., Wu, Q., & Xia, Y. (2019). Medical image classification using synergic deep learning. *Medical image analysis*, 54, 10-19.
- Zhang, L., Zhang, J., Gao, W., Bai, F., Li, N., & Ghadimi, N. (2024). A deep learning outline aimed at prompt skin cancer detection utilizing gated recurrent unit networks and improved orca predation algorithm. *Biomedical Signal Processing and Control*, 90, 105858.
- Zhou, Z.-H., & Feng, J. (2019). Deep forest. *National science review*, 6(1), 74-86.