جامعة سيدي محمد بن عبد الله بفاس
UNIVERSITÉ SIDI MOHAMED BEN ABDELLAH DE FES
كلية العلوم ظهر المهراز فاس
FACULTE DES SCIENCES DHAR EL MAHRAZ FES

N° d'ordre : 06/2024

Centre des Etudes Doctorales : Sciences et Techniques et Sciences Médicales.

Formation Doctorale : STIC.

Discipline : Informatique.
Spécialité : Informatique.
Laboratoire : Informatique, Signaux, Automatique et Cognitivisme.

Thèse pour l'obtention de DOCTORAT

Contributions à l'aide au diagnostic des mélanomes : Algorithmes de décomposition multi-échelles et apprentissage automatique ensembliste.

Préparée par : **Asmae ENNAJI**.

Soutenue le 17/02/2024 devant le jury :

Nom et prénom	**Grade**	**Etablissement**	**Qualité**
Pr. SATORI Khalid	PES	Faculté des Sciences Dhar El Mahraz, Fès	Président
Pr. EL FALLAHI Abdellah	PES	Ecole Nationale des Sciences Appliquées. Tétouan	Rapporteur & examinateur
Pr. EL BANNAY Omar	PH	Ecole Nationale des Sciences Appliquées. Khouribga	Rapporteur & examinateur
Pr. YAHYAOUY Ali	PES	Faculté des Sciences Dhar El Mahraz, Fès	Rapporteur & examinateur
Pr. EL KHOUKHI Fatima	PES	Faculté des Lettres et des Sciences Humaines, Meknès	Examinateur
Pr. AGHOUTANE Badraddine	PES	Faculté des Sciences, Meknès	Examinateur
Pr. AARAB Abdellah	PES	Faculté des Sciences Dhar El Mahraz, Fès	Invité
Pr. SABRI My Abdelouahed	PES	Faculté des Sciences Dhar El Mahraz, Fès	Directeur de thèse

Année Universitaire : 2023-2024

À la mémoire de mon père,
Source d'inspiration.
À ma mère, Ghita, mon pilier de force.
À mon mari, Si Mohammed,
Pour son amour infini.
À mes deux anges, Zayd et Hidaya,
Qui illuminent ma vie de leur présence.
À mes directeurs de thèse,
Pour leur précieuse guidance.
À mon frère Mostapha, et mes sœurs Hajar et Lamiae, pour leur soutien constant.
À tous ceux qui ont rendu ce travail possible.
Merci du fond du cœur.

Remerciements

Je tiens à exprimer ma profonde gratitude envers toutes les personnes qui ont contribué à la réalisation de cette thèse, un travail qui représente plusieurs années d'efforts, de réflexion et de dévouement.

Mes plus vifs remerciements vont tout d'abord à mes directeurs de thèse, Monsieur Abdellah AARAB, et Monsieur My Abdelouahed SABRI, pour m'avoir accueillie au sein de leurs équipes et d'avoir accepté de diriger cette thèse. Leur énergie et leur confiance ont été des éléments moteurs pour moi dans l'accomplissement de ce travail. J'aimerais également souligner à quel point je suis extrêmement reconnaissante envers eux, tant pour leurs qualités humaines de compréhension et d'écoute tout au long de ces années que pour leur engagement inébranlable dans mon développement académique. Je n'aurais jamais assez de mots pour les remercier.

Je remercie les membres du comité de thèse d'avoir accepté d'examiner ce travail et pour l'intérêt qu'ils lui ont porté, ainsi que pour leur précieuse contribution et leurs commentaires constructifs qui ont enrichi cette recherche.

Je tiens à remercier tous les membres du Laboratoire d'Informatique, Signaux, Automatique et Cognitivisme d’avoir fourni le soutien administratif essentiel à la réalisation de cette thèse.

Un grand merci à mes collègues de laboratoire LISAC, ainsi qu'à ceux du laboratoire précédent LESSI. Votre soutien moral et intellectuel a été très apprécié.

Enfin, je souhaite remercier mes adorables membres de famille ; ma mère Ghita, mon mari Si Mohammed, mon frère Mostapha, et mes deux sœurs Hajar et Lamiae, pour leur soutien inconditionnel et leur encouragement. Il m’est impossible de trouver des mots pour dire à quel point je les aime.

Résumé

Le mélanome, le type de cancer de la peau le plus mortel, pose un défi majeur en raison de son potentiel de métastase rapide, menaçant sérieusement la vie des patients. La détection précoce est primordiale pour améliorer les chances de survie. Malgré les avancées dans les technologies de détection comme la dérmoscopie, le diagnostic précis des lésions cutanées pigmentées demeure complexe, même pour les dermatologues chevronnés. Afin de soutenir la prise de décision clinique, nous avons développé des systèmes d'aide au diagnostic (CADs: Computer Aided Diagnosis systems) pour le mélanome, offrant ainsi un second avis diagnostique. Cette thèse apporte des avancées notables dans l'élaboration de CADs pour le mélanome, en se concentrant sur l'analyse et la classification des images dermoscopiques. Nous employons des méthodes avancées de traitement d'images et des algorithmes de classification, basés sur l'apprentissage automatique. Un point central de notre recherche est la segmentation précise des lésions, qui est essentielle pour un diagnostic automatique efficace. Nous présentons deux innovations dans ce domaine : l'utilisation de l'algorithme de C-Moyens Flous combiné à une décomposition multi-échelle pour la première, et l'application de l'algorithme de l'optimisation par colonies de fourmis pour la seconde. De plus, nous proposons deux modèles de détection du mélanome. Le premier combine la méthode clinique ABCD et la matrice de co-occurrence pour l'extraction de caractéristiques, utilisant l'algorithme KSVM pour la classification. Le second utilise l'apprentissage ensembliste avec des techniques de vote majoritaire et pondéré. Ces deux modèles ont été évalués à l'aide de données provenant du Centre Hospitalier Universitaire (CHU) Hassan II de Fès, ainsi que des bases de données d'images Brodatz, PH2, et ISIC 2017. Les résultats obtenus mettent en lumière la performance de la décomposition multi-échelle dans la segmentation et soulignent l'importance de l'apprentissage automatique, en particulier l'approche de vote pondéré, dans la classification. Dans ce cadre, notre modèle basé sur le vote pondéré atteint une précision de 99%, prouvant son efficacité dans le diagnostic précis du mélanome. Malgré les progrès réalisés, l'adoption généralisée de systèmes proposés est confrontée à des défis, en particulier en ce qui concerne leur intégration systémique et la validation clinique à une échelle plus étendue.

Mots clés : Aide au Diagnostic, Mélanome, Segmentation, Décomposition multi-échelle, Méta Heuristiques, Classification, Apprentissage Ensembliste, PH2, ISIC.

Abstract

Melanoma, the most lethal type of skin cancer, presents a significant challenge due to its rapid potential for metastasis, posing a serious threat to patients' lives. Early detection is pivotal to enhance survival rates. Despite advancements in detection technologies, such as Dermoscopy, accurately diagnosing pigmented skin lesions remains a complex task, even for experienced dermatologists. To assist clinical decision-making, we have developed Computer-Aided Diagnosis systems (CADs) for melanoma, providing an essential second diagnostic opinion. This thesis introduces significant advancements in the development of CAD systems for melanoma, with a focus on the analysis and classification of dermoscopic images through advanced image processing methods and machine learning algorithms, particularly ensemble techniques, to improve diagnostic accuracy. A pivotal aspect of our research is the precise segmentation of lesions, indispensable for effective automated diagnosis. We propose two novel approaches: one utilizing the Fuzzy C-Means algorithm in conjunction with multi-scale image decomposition, and the other employing the ant colony optimization algorithm. Furthermore, we present two melanoma detection models: the first leverages the ABCD clinical method and the co-occurrence matrix for feature extraction, utilizing the Kernel Support Vector Machine (KSVM) for classification; the second employs ensemble learning with both majority and weighted voting techniques. These models were validated using data from the University Hospital Center Hassan II in Fez, along with the Brodatz, PH2, and ISIC 2017 image databases, demonstrating our methodologies' effectiveness. The results underscore the utility of multi-scale decomposition in lesion segmentation and highlight the significance of machine learning, particularly the approach of weighted voting, in classification. Our weighted voting-based model achieved an accuracy of 99%, showcasing its efficacy in the accurate diagnosis of melanoma. This research markedly contributes to the enhancement of CADs for melanoma diagnosis, offering potential tools for clinical practice integration. Despite these advancements, the broad adoption of such systems faces challenges, particularly regarding systemic integration and the need for extensive clinical validation, which are crucial steps for future implementation.

Keywords: Diagnostic Aid, Melanoma, Segmentation, Multi-Scale Decomposition, Meta-Heuristics, Classification, Ensemble Learning, PH2, ISIC.

Table des matières

REMERCIEMENTS.....I

RESUME.....II

ABSTRACT.....III

TABLE DES MATIERES.....IV

LISTE DES TABLEAUX.....VII

LISTE DES FIGURES.....VIII

LISTE DES ALGORITHMES.....IX

ABREVIATIONS.....X

INTRODUCTION GENERALE.....1

PARTIE I : CONTEXTE SCIENTIFIQUE ET CADRE THEORIQUE.....4

CHAPITRE I. CONTEXTE MEDICAL.....5

I.1 INTRODUCTION.....5

I.2 LE MELANOME.....5

I.3 DERMOSCOPIE ET DERMOSCOPE.....8

I.4 LE DIAGNOSTIC CLINIQUE DES LESIONS CUTANEES PIGMENTEES ET DU MELANOME.....10

I.4.1 La règle ABCDE dermoscopique.....12

I.4.2 L'analyse des patrons ou analyse de l'architecture globale.....14

I.4.3 La liste italienne en 7 points.....15

I.4.4 L'Algorithme australien de S. Menzies.....16

I.5 LES CADS : SYSTEMES D'AIDE AU DIAGNOSTIC DU MELANOME.....17

I.5.1 Cycle de vie d'un CADs pour le diagnostic du mélanome.....18

I.5.2 Bases de données des images dermoscopiques.....19

I.5.3 Mesures de Performance et d'Évaluation des CADs.....21

I.6 CONCLUSION.....23

CHAPITRE II. ÉTAT DE L'ART : SEGMENTATION ET CLASSIFICATION D'IMAGES DERMOSCOPIQUES.....24

II.1 INTRODUCTION.....24

II.2 SEGMENTATION D'IMAGES.....25

II.2.1 Définition et principe 25
II.2.2 Différentes techniques de la segmentation 26
II.2.3 Segmentation par classification 32
II.2.4 Approches antérieures pour la segmentation d'images dermoscopiques 33
II.2.5 Contraintes liées à la segmentation des images dermoscopiques 34
II.3 LA CLASSIFICATION DES IMAGES DERMOSCOPIQUES 35
II.3.1 Définitions et concepts 35
II.3.2 Méthodes de Classification d'Images 35
II.3.3 Classification par SVM et KSVM 37
II.3.4 Approches antérieures pour la classification automatique du mélanome 37
II.4 CONCLUSION 39

CHAPITRE III. TECHNIQUES DE RECHERCHE ET METHODOLOGIE 40

III.1 INTRODUCTION 40
III.2 SEGMENTATION PAR LA CLASSIFICATION FLOUE 40
III.2.1 Définitions et concepts 40
III.2.2 Principe de l'Algorithme des c-moyens flous (FCM) 41
III.3 DECOMPOSITION VARIATIONNELLE DES IMAGES 44
III.4 L'OPTIMISATION PAR LA COLONIE DES FOURMIS (ACO) 48
III.5 CLASSIFICATION ENSEMBLISTE (ELM : ENSEMBLE LEARNING MACHINE) 51
III.5.1 Principe général 51
III.5.2 Le bagging 52
III.5.3 Le Boosting 53
III.5.4 Le stacking 55
III.5.5 Le vote 56
III.5.6 Optimisation des poids par algorithme génétique 57
III.6 CONCLUSION 59

PARTIE II : CONTRIBUTIONS À LA SEGMENTATION ET À LA CLASSIFICATION DES LÉSIONS CUTANÉES 60

CHAPITRE IV. SEGMENTATION PAR DECOMPOSITION MULTI-ECHELLE ET OPTIMISATION PAR COLONIES DE FOURMIS 61

IV.1 INTRODUCTION 61
IV.2 SEGMENTATION PAR DECOMPOSITION MULTI ECHELLE 61
IV.2.1 Approche proposée 61
IV.2.2 Résultats expérimentaux 64

IV.2.3 Évaluation des résultats *66*
IV.3 SEGMENTATION PAR OPTIMISATION PAR COLONIES DE FOURMIS (ACO) 69
IV.3.1 L'approche proposée *69*
IV.3.2 Résultats expérimentaux *71*
IV.4 CONCLUSION 73
CHAPITRE V. CLASSIFICATION DES IMAGES DERMOSCOPIQUES PAR APPRENTISSAGE AUTOMATIQUE ET ENSEMBLISTE 74
V.1 INTRODUCTION 74
V.2 CLASSIFICATION DES LESIONS CUTANES PAR APPRENTISSAGE AUTOMATIQUE 74
V.2.1 Prétraitement. *76*
V.2.2 Segmentation *79*
V.2.3 Extraction des caractéristiques *81*
V.2.4 Résultats expérimentaux *88*
V.3 CLASSIFICATION ENSEMBLISTE POUR LA DETECTION DU MELANOME 89
V.3.1 Approche proposée par vote majoritaire *90*
V.3.2 Approche proposée par vote pondéré. *94*
V.3.3 Résultats expérimentaux *95*
V.3.4 Evaluation des résultats *96*
V.4 CONCLUSION 98
CONCLUSION GENERALE 100
REFERENCES BIBLIOGRAPHIQUES ..... - 102 -
LISTE DES PUBLICATIONS ..... - 112 -
ACTES DE CONFERENCES ..... - 113 -

Liste des tableaux

Tableau 1. Règle ABCD de la dérmoscopie 13

Tableau 2. Comparaison des résultats de la segmentation proposée avec K_Means, FCM, KFCM et WFCM en utilisant le critère AUC. 68

Tableau 3. Paramètres dérivés de la matrice de co-occurrence GLCM 86

Tableau 4. Matrices de confusion des six modèles de classification. 96

Tableau 5. Métriques d'évaluation de la classification basée sur les six modèles 97

Liste des figures

Figure I-1: Dérmoscope à main 9

Figure I-2: Dérmoscope à main couplé à un iPhone. 9

Figure I-3: Exemple d'images cliniques : a. image Clinique d'un nævus, b. image dermoscopique du même nævus. 9

Figure I-4: Processus de diagnostic des lésions cutanées pigmentées en deux étapes. 10

Figure I-5: Diagnostic du mélanome utilisant la règle ABCD. 14

Figure I-6: Exemple de diagnostic utilisant la méthode de Menzies : (a) Exemple d'un mélanocyte bénin naevus ; (b) Exemple d'un mélanome. 17

Figure I-7: Exemple des lésions mélanocytaires : de (a) à (d) lésions bénignes ; de (e) à (h) Mélanomes. 19

Figure II. 1: Techniques de segmentation 27

Figure III. 1: Décomposition par l'algorithme d'Osher-Vese : l'image gauche représente la composante $\boldsymbol{u}$*, celle de droite, la composante* $\boldsymbol{v}$*.* 46

Figure III. 2: Image couleur est la superposition de trois images en niveaux de gris. 47

Figure III. 3: L'espace couleur RVB. 48

Figure III.4: Choix du chemin le plus court par les colonies de fourmis entre le nid et une source de nourriture unique 50

Figure III.5: l'architecture commune pour l'approche ensembliste. 52

Figure III.6: Architecture de l'approche Bagging 53

Figure III. 7: Architecture de l'approche Boosting 54

Figure III. 8: Architecture de l'approche Stacking 56

Figure III. 9: Fonctionnement d'un algorithme génétique pour la détection des poids. 58

Figure IV. 1: Diagramme de la décomposition couleur proposée 61

Figure IV. 2: Diagramme de la première approche proposée pour la segmentation des images dermatologiques. 62

Figure IV. 3: Résultats de la décomposition Objet-Texture à base de l'algorithme Osher-Vese. 63

Figure IV. 4: Résultats de la méthode proposée EDP+KFCM appliquée sur une image de la base de Brodatz. 63

Figure IV. 5: Résultats de la méthode proposée EDP+KFCM appliquée sur une image de la base de données PH2. 64

Figure IV. 6: Résultat de la détection de la lésion par l'approche proposée. 65

Figure IV.7: Vérité terrain pour quelques images obtenues du Centre Hospitalier Universitaire Hassan II de Fès. 67

Figure IV. 8: Quelques images dermoscopiques utilisées dans ce travail. 72

Figure IV. 9: Résultats de la détection des bords par les colonies de fourmis: (a) image originale ; (b) résultats de Canny ; (c) résultat de l'approche proposée (ACO). 72

Figure IV. 10: Comparaison des résultats avec Canny 73

Figure V. 1: Diagramme de l'approche proposée pour la reconnaissance du mélanome _____ *76*

*Figure V.2: Résultat du prétraitement : (a) Image original avec des poils, (b) image centrée sans bords et avec des poils (c) résultat du prétraitement après suppression des poils.*_____*79*

*Figure V. 3: Diagramme qui décrit la phase de segmentation*_____*80*

*Figure V. 4: Résultat de la segmentation : (a) image originale ; (b) zone capturée de l'image contenant la lésion ; (c) masque de la lésion segmentée ;(d) lésion segmentée.*_____*81*

*Figure V. 5: Simulation pour une image contenant une lésion bénigne.*_____*88*

*Figure V. 6: Simulation pour une image contenant une lésion maligne.*_____*89*

*figure V.7. diagramme schématique illustrant la méthode proposée en utilisant le vote majoritaire.*_____*91*

*Figure V.8: Exemple des résultats obtenu pour la phase de segmentation de notre modèle*_____*93*

*Figure V. 9: diagramme schématique illustrant la méthode proposée en utilisant le vote pondéré.*_____*96*

*Figure V. 10: Comparaison des Performances de Différentes Méthodes de Classification*_____ *98*

Liste des algorithmes

Algorithme 1: Fusion des régions *31*

Algorithme 2 : Fuzzy C-Means *42*

Abréviations

ABCD :	Asymétrie, Bords, Couleur, Diamètre
ABCDE :	Asymétrie, Bords, Couleur, Diamètre et Évolution
ACO:	Ant Colony Optimization
AS:	Ant System
AUC:	Area Under the roc Curve
CAD:	Computer-Aided Diagnosis
CHU:	Centre Hospitalier Universitaire
FCM:	Fuzzy C-Means
FN:	False Negative
FP:	False Positive
GLCM:	Gray-Level Co-occurrence Matrix
IDM :	Inverse Difference Moment
IRM :	Imagerie par Résonance Magnétique
KFCM:	Kernel Fuzzy C-Means
KSVM:	Kernel Support Vector Machine
PET :	Tomographie par Emission de Positrons
PDE :	Partial Differential Equation
RI :	Région d'Intérêt
ROC:	Receiver Operating Characteristic
RMS:	Root Mean Square
RoI:	Region of Interest
RVB:	Rouge Vert et Bleu
SVM:	Support Vector Machine
TDS:	Total Dermoscopic Total
TN:	True Negative
TP :	True Positive

INTRODUCTION GENERALE

Introduction générale

Depuis longtemps, la médecine cherche à explorer le corps humain sans recourir à des méthodes invasives, souvent complexes et de longue durée. Actuellement, l'imagerie médicale répond parfaitement à ce besoin en jouant un rôle prépondérant dans le domaine. Elle facilite grandement cette exploration en permettant de générer des images des régions internes et externes du corps humain, favorisant ainsi un diagnostic médical précoce. L'imagerie médicale offre des solutions innovantes pour automatiser le diagnostic des maladies grâce à diverses techniques, telles que les rayons X, l'imagerie par résonance magnétique (IRM), la tomographie assistée par ordinateur (CT scan), la médecine nucléaire, les ultrasons, l'échographie, la tomographie par émission de positons (PET scan) et la dérmoscopie.

La dérmoscopie, en particulier, est une technique non invasive qui permet d'examiner en détail la peau, qu'elle soit saine ou porteuse de lésions, grâce à un dérmoscope. Elle est particulièrement utile pour analyser les lésions suspectées de présenter un risque de cancer, comme le mélanome. Bien que le mélanome soit le moins fréquent des cancers de la peau, il est le plus dangereux en raison de sa capacité à métastaser et à se propager à d'autres parties du corps. Néanmoins, une détection précoce peut significativement réduire le risque de mortalité.

Au cours des dernières décennies, de nombreuses approches ont été développées pour automatiser le diagnostic du mélanome, visant à classifier les images dermoscopiques comme malignes ou bénignes en utilisant des techniques de traitement d'images et d'apprentissage automatique (Machine Learning, ML). Cependant, la distinction de certains types de lésions reste complexe, soulignant l'importance des systèmes d'aide au diagnostic (Computer-Aided Diagnosis, CAD) pour le mélanome. Un CAD typique pour la détection de mélanome comprend quatre étapes principales : l'acquisition et le prétraitement des images, la segmentation, l'extraction de caractéristiques, et la classification.

Cette thèse vise à contribuer à l'amélioration des systèmes d'aide au diagnostic du mélanome, en se concentrant sur le traitement des images dermoscopiques et l'application d'algorithmes de classification par apprentissage automatique et ensembliste. Nous proposons des méthodes de segmentation adaptées pour identifier correctement la lésion dans l'image

dermoscopique, en tenant compte de ses spécificités, et pour caractériser la lésion en vue de sa classification comme maligne ou bénigne.

Les contributions principales de cette thèse incluent :

- La segmentation des images dermoscopiques par décomposition multi-échelle et classification floue.
- L'utilisation de l'optimisation par colonies de fourmis pour détecter les contours de la lésion dans les images dermoscopiques.
- Le développement d'un premier modèle de classification basé sur la segmentation et les Machines à Vecteurs de Support (Support Vector Machine, SVM).
- La proposition d'un second modèle de classification utilisant l'apprentissage ensembliste, combinant les prédictions de plusieurs algorithmes SVM pour améliorer la précision grâce à un vote majoritaire et pondéré.

La présente thèse est organisée en deux parties principales :

- La première partie comprend trois chapitres :
    - Le contexte médical : décrivant le cadre théorique de l'étude et les bases de données utilisées pour la validation des modèles de segmentation et de classification.
    - L'état de l'art sur la segmentation et la classification des images dermoscopiques.
    - Techniques de recherche et méthodologie : détaillant la méthodologie adoptée pour nos contributions.
- La deuxième partie présente nos approches proposées et leur validation en deux chapitres :
    - Segmentation par décomposition Multi-échelle et Optimisation par Colonies de Fourmis : décrivant les approches proposées pour la segmentation des images afin de détecter la lésion.

- Classification des images dermoscopiques par apprentissage automatique et ensembliste : abordant les contributions de la classification basée sur l'apprentissage automatique et les techniques ensemblistes.

Enfin, elle se conclut par un résumé des contributions et des résultats obtenus, ainsi que les perspectives de recherche futures envisagées.

Partie I : CONTEXTE SCIENTIFIQUE et CADRE THEORIQUE

Chapitre I. Contexte médical

I.1 Introduction

Le mélanome cutané est un type de cancer de la peau qui suscite une préoccupation croissante dans le domaine de l'imagerie médicale, en raison de son impact significatif sur la santé publique. Ces dernières années, la prévalence du mélanome a connu une augmentation constante, avec un taux d'incidence qui s'élève de 3 à 7 % annuellement [1]. Plus alarmant encore est le taux de mortalité lié à cette maladie, qui connaît une hausse encore plus prononcée [2]. L'imagerie médicale, grâce à son approche non invasive, joue un rôle fondamental dans l'examen des caractéristiques des lésions cutanées, permettant ainsi une détection précoce des signes de malignité. Cette technologie est essentielle dans la lutte contre le mélanome, offrant une méthode de surveillance efficace pour des interventions rapides et ciblées.

Dans ce chapitre, nous abordons le contexte médical entourant notre sujet d'étude, en mettant l'accent sur le mélanome, la dérmoscopie et l'utilisation du dérmoscope, ainsi que les outils cliniques spécifiques au diagnostic de cette pathologie. Nous discutons également les systèmes automatiques d'aide au diagnostic (CADs) du mélanome, en détaillant leurs cycles de vie, les critères d'évaluation de leur performance, et en présentant les bases de données d'images Brodatz, PH2 et ISIC utilisées dans notre travail.

I.2 Le mélanome

"Un mélanome de la peau est une maladie des cellules de la peau appelées mélanocytes. Il se développe à partir d'une cellule initialement normale qui se transforme et se multiplie de façon anarchique pour former une lésion appelée tumeur maligne. Il existe quatre principaux types de mélanome de la peau : le mélanome superficiel extensif, le mélanome de Dubreuilh, le mélanome nodulaire et le mélanome acrolentigineux. Le traitement de ces différents types de mélanome repose essentiellement sur la chirurgie qui sera adaptée à la topographie (c'est-à-dire à l'endroit où est situé le mélanome) et à la profondeur de la lésion." [1,3]. En France avec 17 922 cas en 2023, il touche autant d'hommes que de femmes. L'âge médian au diagnostic est de 68 ans chez les hommes et 62 ans chez les femmes. C'est le cancer pour lequel le nombre de nouveaux cas par an

(incidence) augmente le plus avec +2% par an entre 2010 et 2023 chez les hommes comme chez les femmes [3].

Le taux de mortalité associé augmente de façon plus remarquable. Cette tendance de la mortalité par rapport à l'incidence peut s'expliquer par une détection plus précoce, mais également par une meilleure prévention. Cette affection touche principalement les pays occidentaux. L'Australie présente le taux le plus élevé (40-60 cas pour 100 000) ; le mélanome y est le cinquième cancer le plus fréquent [2,3].

Au Maroc, le taux de mortalité annuel, pour 100 000 personnes atteintes de mélanome de la peau, a augmenté de 113% depuis 1990, soit une moyenne de 4,9 % par an[1].

Une étude menée au Centre Hospitalier Universitaire de Fès, avec une durée moyenne de suivi de 21 mois, et des extrêmes variant entre 3 et 36 mois, a révélé que 14 patients, tous initialement métastatiques, sont décédés. [2]. Autre étude, effectuée au sein de CHU de Casablanca, ayant comme objectif, l'identification des facteurs de survenue de métastases viscérales, à distance à 1 an et de mortalité à 2 ans, chez des patients atteints de mélanome cutané épais. Tous les cas de mélanomes suivis au service de dermatologie et d'oncologie du CHU de Casablanca, de 2006 à 2010, ont été colligés rétrospectivement. Cette étude a mené que 13 patients étaient décédés après 2 ans d'évolution (21,7% des cas observé) [1].

Les trois études citées précédemment confirment que le mélanome est une forme de cancer de la peau heureusement assez rare, mais le plus dangereux, même au Maroc.

L'évolution naturelle d'un mélanome est caractérisée par une grande variabilité. Certaines tumeurs progressent rapidement, tandis que d'autres évoluent sur plusieurs années, parfois avec des régressions, mais très rarement avec des guérisons spontanées. Le schéma évolutif typique du mélanome commence par une croissance locale, pouvant s'étendre à la peau environnante, puis vers l'envahissement des ganglions lymphatiques régionaux, et enfin, l'apparition de métastases, qui ont généralement tendance à se développer dans les tissus mous, les poumons, le foie et le cerveau, dans cet ordre de fréquence. L'atteinte osseuse survient plus tardivement, et en réalité, aucun organe n'est à l'abri de métastases dans le cas du mélanome. Malheureusement, le mélanome se révèle être peu sensible à la radiothérapie et à la chimiothérapie. Par conséquent, la chirurgie, suivie éventuellement d'une nouvelle intervention, demeure le traitement de référence pour la majorité

des mélanomes non métastatiques. C'est pourquoi toute lésion suspecte de mélanome doit être retirée chirurgicalement en vue d'une analyse histopathologique. Il est à noter que des traitements adjuvants, tels que la chimiothérapie, la radiothérapie ou l'immunothérapie, sont parfois envisagés après l'excision de la tumeur, bien que l'efficacité de ces traitements reste difficile à prouver malgré de nombreuses études cliniques. Par conséquent, le principal moyen de réduire, de manière significative, la mortalité liée au mélanome, demeure le dépistage précoce. En effet, l'excision précoce de la tumeur peut enrayer son évolution et considérablement augmenter les chances de guérison.

Il est important de noter que « Reconnaître un mélanome de moins de 1 millimètre d'épaisseur histologique - une lésion accessible à la vue - c'est presque toujours le guérir; à l'opposé un mélanome négligé et épais a peu de chance d'être curable » [3] . La simple observation visuelle peut donc permettre de repérer les lésions suspectes, ce qui en fait un élément clé de la médecine préventive.

En complément du rôle essentiel joué par les praticiens dans l'examen systématique de la peau et la réalisation de biopsies en cas de besoin, les dermatologues et d'autres professionnels de la santé jouent un rôle capital dans la sensibilisation et l'organisation de journées de dépistage. La médiatisation de ces campagnes contribue à encourager l'auto-surveillance de la peau, incitant les individus à consulter plus rapidement en cas de doute. Cela conduit généralement à des diagnostics plus précoces, améliorant ainsi le pronostic, car les tumeurs sont moins épaisses au moment de leur découverte.

Actuellement, un dermatologue expérimenté peut identifier un mélanome avec une efficacité d'environ 75%. Cela repose en grande partie sur l'observation visuelle des caractéristiques de la lésion, telles que sa couleur, sa forme et sa texture (nous approfondirons ces critères ultérieurement). Cependant, la principale difficulté réside dans la distinction des mélanomes des lésions mélanocytaires similaires, telles que les naevus dysplasiques (ou atypiques). Le paragraphe suivant démontrera que l'observation visuelle à l'œil nu n'est pas toujours suffisante pour poser un diagnostic précis du mélanome. Il mettra également en avant l'importance de la dérmoscopie et du dermatoscope, utilisés dans la phase d'acquisition d'images pour un diagnostic précoce du mélanome.

I.3 Dérmoscopie et Dérmoscope

Dérmoscopie, aussi connu comme microscopie par épiluminescence, est une technique, d'acquisition des images et de diagnostic non-invasive de la peau, permettant l'observation à l'échelle sub-macroscopique de structures morphologiques déterminantes des lésions cutanées, aussi bien pigmentées que non pigmentées de la peau, situées dans l'épiderme ou plus en profondeur, jusque dans le derme superficiel, en fournissant une meilleure visualisation de leurs structures morphologiques, qui ne seraient pas autrement visibles par l'œil nu [4].

Dans le domaine de la dermatologie, la dermatoscopie implique l'usage d'un instrument optique, appelé dérmoscope, il s'agit d'une loupe associée à une source lumineuse, comprenant une ou plusieurs lentilles grossissantes (loupe x10, ou microscope) et un système d'éclairage destiné à aider les dermatologues à faire des observations plus précises des lésions de la peau, des muqueuses ou phanères ou de la surface d'organes qui présentent des anomalies ou susceptibles d'en présenter, pour notamment et par exemple différentier les mélanomes de simples grains de beauté.

Parmi les dérmoscopes les plus pratiques et les plus appréciés disponibles à l'heure actuelle, on trouve des appareils portatifs de poche. Ils peuvent être équipés de sources de lumière polarisée ou non-polarisée, d'ampoules halogènes ou à diodes électroluminescentes (LED), d'optiques à contact ou sans contact ; ils peuvent dans Certains cas être couplés à un appareil photo et comportent des optiques ou champs de vision allant de 10 à 25 mm sous un grossissement le plus souvent de X10 (figure I-1), (figure I-2).



Figure I-1: Dérmoscope à main



Figure I-2: Dérmoscope à main couplé à un iPhone.

La dérmoscopie numérique est devenue la méthode de référence, dans l'analyse des lésions cutanées, pour lesquelles on suspecte un risque de cancer et leurs prises en charge différenciées. L'image dermoscopique numérique obtenue, conduit à un diagnostic plus précis et plus précoce des naevus, c'est-à-dire les « grains de beauté » pour repérer d'éventuelles lésions malignes qui nécessiteront une biopsie. L'examen est indolore, non invasif, sans effet secondaire, ni complication.

Exemple d'image clinque et dermoscopique d'un nævus, est montré dans la figure I-3.



Figure I-3: Exemple d'images cliniques : a. image Clinique d'un nævus, b. image dermoscopique du même nævus.

De là, la dérmoscopie est devenue indispensable dans l'analyse des lésions pour lesquelles on suspecte un risque de cancer, elle permet de mieux identifier les lésions cutanées qui nécessiteront une biopsie. La principale application de la dérmoscopie concerne le mélanome.

I.4 Le diagnostic clinique des lésions cutanées pigmentées et du mélanome

Le diagnostic des lésions cutanées pigmentées peut être une tâche difficile, même pour les dermatologues. de là, la conférence de consensus d'experts en dérmoscopie sur Internet (CNMD) convenu d'une procédure en deux étapes pour la classification des lésions cutanées pigmentées (figure I-4) [5].

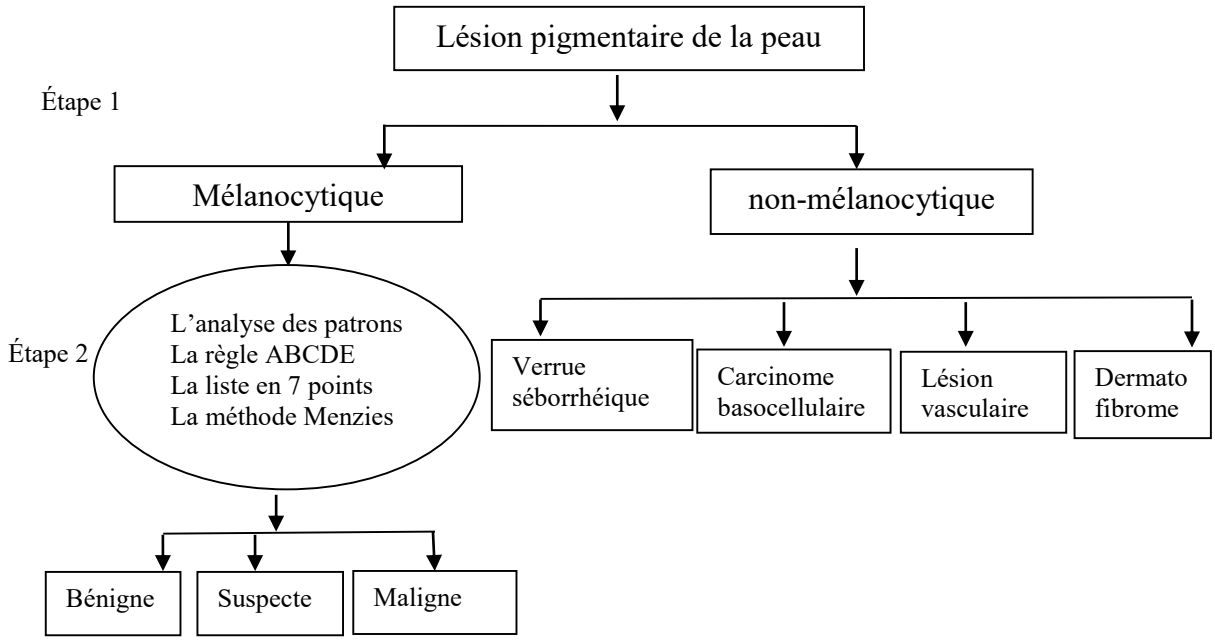


Figure I-4: Processus de diagnostic des lésions cutanées pigmentées en deux étapes.

Étape 1 :

Le but de la première étape est de classer la lésion comme mélanocytaire ou non mélanocytaire. Cette décision est basée sur la présence de certaines caractéristiques dermoscopiques, telles que : le réseau pigmentaire, les globules bruns agrégés, les pseudopodes ou

courants radiaires, les pigmentations bleues homogènes, et les architectures parallèles (lésions palmo-plantaires).

Généralement, une lésion cutanée pigmentée est considérée comme mélanocytaire lorsque l'un au moins de ces critères est présent. Sinon, la lésion doit être non mélanocytaires. Les quatre principaux types des lésions non mélanocytaires sont : le naevus bleu, la kératose séborrhéique, le carcinome basocellulaire et l'hémangiome [6].

Étape 2 :

Cette étape vise à identifier au sein des lésions mélanocytaires celles qui sont bénignes de celles qui sont malignes. Autrement dit, c'est le fait d'identifier le mélanome des simples grains de beauté bénins (naevus).

À cet égard, plusieurs algorithmes de diagnostic des lésions cutanées ont été proposés, afin de faciliter la différenciation entre les naevus bénins et le mélanome. Les algorithmes de diagnostic cliniques les plus utilisés sont : la règle ABCDE dermoscopique ; l'analyse des patrons ou analyse de l'architecture globale ; la liste italienne en 7 points, Argenziano et al. [5] ; la méthode de Menzies [7]. Le premier algorithme fournit une description des images des lésions par rapport à des mesures d'asymétrie calculées pour le bord, la couleur et les structures dermatoscopiques, à la présence des zones pigmentées qui s'interrompent brusquement au bord ou qui se dégradent lentement, au degré de la couleur des lésions et à l'existence d'un voile clair, aux mesures des différents composants de la structure (réseaux pigmentés, points, globules, zones sans structure et stries). Les méthodes d'analyse de patterns se concentrent sur les caractéristiques de la structure de la lésion au niveau global et local. La méthode de Menzies focalise l'attention sur les principaux indicateurs de négativité et positivité. La dernière méthode est basée sur une liste de contrôle à 7-points liés à des atypies dans le réseau pigmenté, à la présence du voile, à des zones vascularisées atypiques, à des stries, points, globules ou taches irrégulières, à une régression dans la structure de la lésion.

Compte tenu des difficultés de mise au point d'un traitement efficace contre le mélanome, les développements actuels sont orientés vers la prévention et le dépistage précoce. Néanmoins, le diagnostic reste difficile pour des tumeurs malignes de stade précoce. Selon les études [7], un dermatologue expérimenté peut identifier un mélanome avec environ 75% d'efficacité. Les performances varient de 60 %, pour des dermatologues avec 3 à 5 ans d'expérience en

dermatologie, à 80 %, pour des médecins qui ont plus de 10 ans d'expérience. Du fait de nombreux traits communs avec d'autres tumeurs pigmentées, moins dangereuses, voire bénignes, il est difficile de porter un diagnostic de façon catégorique. Le dermatologue a donc recours à plusieurs types d'informations : d'une part des informations qui concernent le patient et ses antécédents (dossier clinique), d'autre part des informations recueillies à partir de l'examen de la lésion, principalement des caractéristiques de contour, de forme, de texture et de couleur. Ainsi, lors de l'examen d'une lésion cutanée pigmentée, plusieurs critères cliniques peuvent faire suspecter la malignité. L'association de ces critères permet de définir des règles de décision.

I.4.1 La règle ABCDE dermoscopique

La règle la plus courante, sur laquelle s'appuient les anciens systèmes d'aide au diagnostic du mélanome décrits dans la littérature, est la règle ABCDE, cette dernière se base sur les critères suivants:

A = Asymétrie

B = Bords irréguliers

C = Couleur hétérogène

D = Diamètre supérieur à 6 millimètres

E = L'Evolution.

Un mélanome se présente habituellement sous la forme d'une lésion asymétrique (A), à bords (B) irréguliers. Les bords sont souvent encochés ou polycycliques ou se prolongent en coulées d'encre accentuant l'asymétrie de la lésion. La couleur (C) est inhomogène avec des nuances variables dans les teintes du brun au noir, mais éventuellement des zones décolorées blanches, inflammatoires rouges ou cicatricielles bleutées. Le diamètre (D) d'un mélanome est généralement supérieur à 6 millimètres. L'évolution (E), documentée par l'interrogatoire tient compte du changement non seulement de taille, mais aussi de forme de couleur et du relief.

Ce critère 'E' peut quelquefois être documenté par des photographies comparatives. Il existe cependant une nécessité à s'accorder sur la définition précise de ces critères, et bien que des conférences de consensus soient organisées, il y a encore matière à progresser.

Le Score dermoscopique total (TDS) : chaque critère de la règle ABCDE est associé à un coefficient de multiplication, en additionnant les différents scores (voir Tableau 1), on obtient le TDS qui peut varier de 1 à 8,9

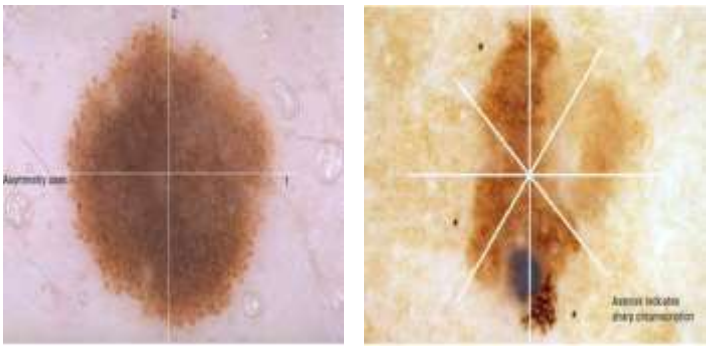
$$\mathrm{TDS} = [(\mathrm{A} - \mathrm{score} \times 1.3) + (\mathrm{B} - \mathrm{score} \times 0.1) + (\mathrm{C} - \mathrm{score} \times 0.5) + (\mathrm{D} - \mathrm{score} \times 0.5)] \quad (1)$$

Une lésion avec une valeur TDS inférieure à 4,75 peut être considérée comme une lésion mélanocytaire **bénigne**. Une lésion avec une valeur TDS comprise entre 4,75 et 5,45 est considérée comme **suspecte**, et devrait être suivie. Enfin, une valeur TDS supérieure à 5,45 indique que la lésion est hautement suspecte d'être un **mélanome**.

Tableau 1.Règle ABCD de la dérmoscopie

Le critère	**Description**	**Score**	**Facteur**
L'Asymétrie	La lésion est divisée en deux axes orthogonaux, et l'asymétrie est évaluée en ce qui concerne le contour, les couleurs, et les structures : (symétrie complète - 0 point, asymétrie dans un axe - 1 point, asymétrie complète - 2 points).	0-2	1.3
La Bordure	La lésion est divisée en huit segments. Chaque segment avec une fin abrupte du motif de pigment à la périphérie a un score de 1.	0-8	0.1
La Couleur	1 point pour la présence d'un des couleurs suivantes (blanc, rouge, brun clair, brun foncé, bleu-gris, noir).	1-6	0.5
Structures dermoscopiques différentes	1 point pour la présence d'un des structures (Réseau pigmenté, zones sans structure, stries, points et globules).	1-5	0.5

Dans la figure I-5, deux exemples de l'application de la règle ABCD pour le diagnostic du mélanocyte des lésions sont présentées. La lésion cutanée de la figure I-5 (a) a une valeur TDS de 2,8, correspondant à une lésion mélanocytaire bénigne. La figure I-5 (b) contient un mélanome, dont la valeur TDS est de 6,9.



(a) (b)

Figure I-5: Diagnostic du mélanome utilisant la règle ABCD.

- (a) Lésion cutanée bénigne avec une valeur TDS de 2,8 : Asymétrie : 0×1,3 = 0; Bordure: 8 × 0,1 = 0,8; Couleur : 2 (brun clair, brun foncé) × 0,5 = 1; Structures différentielles : 2 (réseau pigmenté, globules) × 0,5=1.
- (b) Mélanome avec une valeur TDS de 6,9 : Asymétrie: 2×1,3 = 2,6; Bordure : 3× 0,1=0,3; Couleur : 4 (marron clair, brun foncé, bleu-gris, noir) × 0,5 = 2; Structures différentielles : 4 (réseau, zones homogènes, stries, globules) × 0,5 = 2.

I.4.2 L'analyse des patrons ou analyse de l'architecture globale

L'analyse des patrons dermoscopiques est l'approche classique pour le diagnostic des lésions cutanées pigmentées, elle a été décrite en 1987 par Pehamberger et coll. [7] Il y a eu plusieurs tentatives pour simplifier cet algorithme qui est devenu la méthode la plus fréquemment utilisée, surtout par les dermatologues avec une grande expérience dermoscopique, ceci a été confirmé par la conférence de consensus en 2001. Dans cet algorithme, on prend en compte tout d'abord la présence de patrons globaux et secondairement celle de patrons spécifiques.

Parmi les patrons globaux les plus courants, qui doivent être évalués, on trouve :

- Patron réticulaire : les lésions mélanocytaires sont composées presque entièrement d'un prédominant réseau pigmenté.
- Patron globulaire : caractérisé par la présence d'un grand nombre globules qui peuvent être de taille, de forme et surtout de distribution spatiale variable en fonction qu'il s'agit de lésion bénigne ou maligne.

- Patron pavimenteux : il ressemble au patron globulaire, mais caractérisé par la présence de globules étroitement, agrégés et grands.
- Patron étoilé : caractérisé par la présence régulière de stries ou de globules radiaux distribué autour de la périphérie de la lésion.
- Patron parallèle : caractérisé par la présence de pigments parallèles. Il se trouve exclusivement dans les lésions pigmentées des paumes, des plantes, et parfois sur les muqueuses.

Outre les schémas globaux, plusieurs patrons locaux doivent être analysées, telles que : les stries, points noirs, globules, le voile bleu-blanchâtre, les structures de régression, la tâche d'encre, L'hypopigmentation et dépigmentation, et patrons vasculaires.

Généralement, les structures et couleurs dermoscopiques sont distribuées symétriquement dans les lésions bénignes, les mélanomes sont asymétriques et / ou ont une forme atypique [8].

Cependant, en raison des problèmes liés à la fiabilité et à la reproductibilité de la méthode d'analyse des patrons, d'autres algorithmes de diagnostic ont été introduits pour augmenter la précision, à savoir, la liste de contrôle en 7 points et la méthode Menzies.

I.4.3 La liste italienne en 7 points

La liste de contrôle dermoscopique en 7 points est une autre tentative pour formaliser et simplifier l'analyse des structures dermoscopiques spécifiques. Dans cette méthode, sept caractéristiques dermatoscopiques sont évaluées. Elles sont séparées en critères majeurs (auxquels deux points sont attribués) et critères mineurs (auxquels un point est attribué).

a. Les critères majeurs sont :

- Un réseau pigmenté atypique, présentant un maillage large, irrégulier et hyperpigmenté,
- Des zones, de couleur bleu-ardoise, caractérisées par des étendues de pigmentation diffuse, irrégulière, confluente, de couleur bleu-ardoise à blanchâtre-bleu, sans plages rouges ni pigmentations en forme de feuilles d'érable

- Des aspects vasculaires atypiques, représentés par des structures linéaires constituées de globules ou de points rouges, distribuées de façon irrégulière à l'extérieur des zones de régression et associées à d'autres caractéristiques des lésions mélanocytaires

b. Les critères mineurs sont :

- Un courant radiaire, caractérisé par des structures formées d'extensions linéaires ou dilatées, disposées de façon asymétrique, s'étendant jusqu'à la périphérie de la lésion.
- Une pigmentation diffuse et irrégulière, définie comme une zone de pigmentation gris-brun ou noire, de forme et de localisation irrégulières, présentant des bords nets et formant une vaste plage polychrome, des points ou globules irréguliers, se présentant sous la forme de structures arrondies noires, brunes ou bleues, réparties de façon irrégulière à la surface de la lésion.
- Des images de régression, caractérisées par des zones pseudo-cicatricielles blanches ou par un aspect en "grains de poivre", sous la forme de multiples points de couleur bleu-ardoise disséminés de façon irrégulière sur des zones hypopigmentées de la surface de la lésion.

Un score final est calculé en additionnant la valeur de points de chaque critère qui est présent. Si le score total est inférieur à trois, la lésion est considérée comme bénigne, alors qu'en cas de résultat supérieur ou égal à trois, le diagnostic de mélanome est posé [9].

I.4.4 L'Algorithme australien de S. Menzies

La méthode Menzies est une autre version simplifiée de la méthode d'analyse des patrons [10], qui distingue les caractéristiques dermoscopiques des lésions mélanocytaires bénignes de ceux de mélanome en se basant sur la présence de critères négatifs et de critères positifs. Aucun des critères négatifs ne doit être présent et au moins un des critères positifs doit être présent pour retenir le diagnostic de mélanome. L'ensemble des critères négatifs comprend :

- La présence de symétrie de l'architecture pigmentaire
- La présence d'une seule couleur.

- L'existence d'un des critères négatifs implique l'élimination du diagnostic de mélanome.

L'ensemble des critères positifs contient 9 caractéristiques positives qui sont :

- Le voile bleu-blanc
- Multiples points bruns
- Pseudopodes
- Courants radiaires
- Dépigmentation cicatricielle
- Points et globules noirs périphériques
- Couleurs multiples (5 ou 6)
- Multiples « grains de poivre » gris bleu
- Réseau pigmentaire atypique.

Un exemple d'images dermoscopiques peuvent être diagnostiquées en utilisant la méthode de Menzies est présenté dans la figure I-6.



(a) (b)

Figure I-6: Exemple de diagnostic utilisant la méthode de Menzies : (a) Exemple d'un mélanocyte bénin naevus ; (b) Exemple d'un mélanome.

I.5 Les CADs : systèmes d'aide au diagnostic du mélanome

Les Systèmes d'Aide au Diagnostic par ordinateur (CADs) sont des applications de l'intelligence artificielle qui utilisent des algorithmes complexes pour analyser des données

médicales, en particulier des images. Leur objectif principal est de soutenir les professionnels de la santé dans le processus diagnostique en identifiant des modèles, des anomalies ou des caractéristiques pertinentes dans les données médicales. Dans la dermatologie, notamment pour le diagnostic du mélanome, ces systèmes offrent un support objectif, améliorant la prise de décision clinique. Cette démarche d'analyse s'apparente clairement a des procédés courant en analyse d'images et en classification. On dispose d'une base d'images à partir desquelles on cherche à extraire des paramètres que l'on pense être caractéristiques de signes d'intérêt qui sont alors donnés à un classifieur fournissant ainsi une affectation aux différentes classes. Ce processus comporte plusieurs étapes dont la finalité est de prédire la nature de la lésion, s'il s'agit d'un naevus bénin ou bien naevus malin [11].

I.5.1 Cycle de vie d'un CADs pour le diagnostic du mélanome

La majorité des algorithmes de CADs s'articulent sur cinq étapes qui sont :

- Phase d'acquisition : Dans cette étape, l'acquisition des images est effectuée par la technique de la dérmoscopie en utilisant un dérmoscope.
- Prétraitement de l'image : Dans cette étape, on cherche à éliminer tous les problèmes qui diminuent la qualité de l'image tout en gardant que l'image résultant de la phase de prétraitement soit représentante de l'image d'origine, c'est-à-dire, sans perte d'information utile. le prétraitement de l'image a pour mission d'éliminer le bruit qui peut apparaître dans ce genre d'images, comme les cheveux, des bulles, des éclairs, les ombres, les marques d'encre dans la peau, des marques électroniques (généralement identificateurs numériques ou des informations de copyright), cadres noirs et des dispositifs et des règles pour mesurer.
- La segmentation de la lésion cutanée : La segmentation de la lésion est mise en œuvre afin de l'identifier avec son contour correspondant, de celle de la peau saine. Dans cette phase, la lésion est considérée comme région d'intérêt (RI), et son identification influence sur les résultats des phases suivantes du système.
- La Détection et la caractérisation des indicateurs : La détection automatique et la caractérisation des indicateurs choisis pour entreprendre le diagnostic. Cette étape

vise à la quantification des caractéristiques de la lésion en produisant un vecteur descripteur qui le caractérise. Dans la plupart des cas, les indicateurs extraits, modélisent les signes cliniques utilisés par les dermatologues dans le diagnostic médical afin de décrire la malignité de la lésion.

- Phase de classification ou diagnostic : Cette phase classifie une lésion, en fonction de son vecteur descripteur issu de ces caractéristiques, prédéterminées dans la phase de la détection et la caractérisation des indicateurs, en maligne ou bénigne, de telle sorte que, la classe bénigne englobe les lésions atypiques et la classe maligne rassemble les lésions malignes ou mélanomes.

Malgré les méthodes proposées dans la littérature, le diagnostic du mélanome reste encore une tâche difficile à réaliser, pour la raison que les lésions malignes, et les mélanomes apparaissent très similaires. Cela peut conduire à l'un des problèmes majeurs du diagnostic des lésions mélanocytaires, qui est le sous-diagnostic d'un mélanome comme étant une lésion bénigne. La figure I-7 démontre ça par quelques exemples de lésions mélanocytaires, contenant des lésions bénignes (les naevi mélanocytaires) ainsi que des mélanomes.

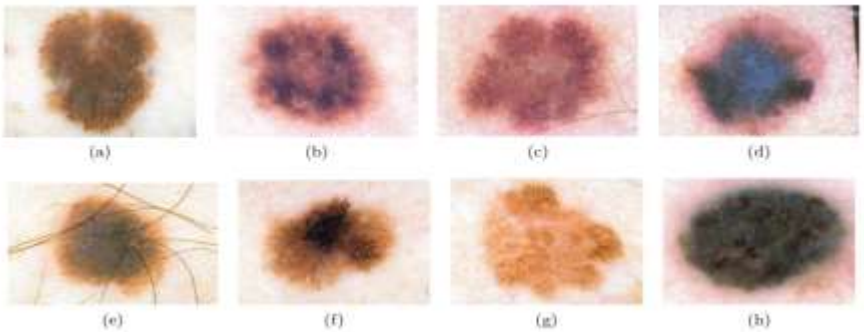


Figure I-7: Exemple des lésions mélanocytaires : de (a) à (d) lésions bénignes ; de (e) à (h) Mélanomes.

I.5.2 Bases de données des images dermoscopiques

a) La base PH^2

La base de données PH^2 a été accumulée par une collaboration de recherche collective entre l'Université de font Porto, Técnico Lisboa et le service de Dermatologie d'Hôpital Pedro Hispano

dans Matosinhos, au Portugal. Les images dermoscopiques ont été obtenues dans les mêmes conditions. Ce sont des images en couleurs RVB de 8 morceaux avec une résolution de 768*560 pixels. Cette base de données d'image contient un total de 200 images dermoscopiques, contenant 80 de type nevi communs, 80 de type nevi atypiques et 40 images des mélanomes. Toutes les images sont des images dermoscopiques de la peau de type II ou III, selon l'échelle de classification de type Fitzpatrick de peau [12]. Les images de la base de données ont été soigneusement choisies en tenant compte de leur qualité, leur résolution ainsi que leurs caractéristiques dermoscopiques [13].

b) La base de données ISIC

L'ISIC (International Skin Imaging Collaboration) représente une initiative de collaboration entre le monde académique et l'industrie, orientée vers la réduction des taux de mortalité liés au cancer de la peau et la minimisation des biopsies non nécessaires. L'ensemble de données ISIC2017, inclus au sein de cette collaboration, comporte 2000 images, englobant 1626 cas de cancer de la peau non-mélanome (comprenant 254 kératoses séborrhéiques et 1372 naevus atypiques) ainsi que 374 mélanomes. Ces images sont en couleur RVB (rouge, vert, bleu) et affichent une résolution de 767*1022 pixels [14].

c) L'album de Brodatz :

L'album de Brodatz est une compilation soigneusement organisée de 112 textures distinctes, chacune représentant une surface ou un motif unique. Ces textures comprennent une variété de motifs tels que des briques, des feuilles, des tissus, des pavés, etc. Chaque image de texture dans l'album est capturée à une résolution de 128x128 pixels.

Créé par le scientifique et l'ingénieur américain Philip J. Brodatz, cet ensemble de textures a été initialement conçu pour servir de référence dans le développement et l'évaluation d'algorithmes de traitement d'images, en particulier ceux liés à la segmentation et à la reconnaissance de motifs [15] .

I.5.3 Mesures de Performance et d'Évaluation des CADs

Les métriques de performance en segmentation et classification sont des outils essentiels dans le domaine de l'analyse d'images et de la reconnaissance d'objets. Elles permettent d'évaluer objectivement l'efficacité des algorithmes et des modèles dans la délimitation de régions d'intérêt (segmentation) et dans l'attribution de catégories aux objets ou aux données (classification). Ces métriques fournissent une base solide pour la mesure de la précision, de la sensibilité (rappel), de la spécificité et de la précision globale des méthodes. Elles englobent des concepts tels que la matrice de confusion, qui répertorie les résultats corrects et incorrects, ainsi que des mesures agrégées comme l'aire sous la courbe ROC (Receiver Operating Characteristic) qui évalue la capacité de discrimination des modèles. De plus, des métriques telles que le F1-score, le coefficient de corrélation de Matthews, et d'autres fournissent une vue plus complète de la performance, en tenant compte des faux positifs, des faux négatifs et de la balance entre la précision et le rappel. Une compréhension approfondie de ces métriques est fondamentale pour les chercheurs, les professionnels de la santé, les praticiens de la vision par ordinateur et les ingénieurs, car elle permet une évaluation rigoureuse des résultats, favorise la comparaison des approches et guide le développement de modèles robustes. Les métriques de performance sont nécessaires pour mesurer la fiabilité des systèmes d'analyse d'images, contribuant ainsi à la validation, à l'amélioration continue et à la prise de décision éclairée dans un large éventail d'applications, notamment la médecine, la surveillance, la vision par ordinateur, et bien d'autres domaines.

Dans l'évaluation de la performance de nos modèles, nous utilisons un ensemble complet de métriques d'évaluation, comprenant[16] :

a. La Précision (Accuracy) : Cette métrique évalue la correction globale de la classification d'images. Elle est calculée comme le rapport entre les images correctement classées (vrais positifs : TP, et vrais négatifs : TN) et le nombre total de classifications (TP + TN + faux positifs : FP + faux négatifs : FN).

$$Précision = (TP + TN) / (TP + TN + FP + FN) \quad (2)$$

b. Sensibilité ou Rappel (Recall) : La sensibilité quantifie la capacité du modèle à identifier correctement les cas positifs (cas de mélanome). Elle est calculée comme

le rapport entre les vrais positifs (TP) et la somme des vrais positifs et des faux négatifs (FN).

$$Rappel = TP / (TP + FN) \quad (3)$$

c. Spécificité (Specificity) : La spécificité mesure la capacité du modèle à identifier correctement les cas négatifs (cas de non-mélanome). Elle est déterminée comme le rapport entre les vrais négatifs (TN) et la somme des vrais négatifs et des faux positifs (FP).

$$Spécificité = TN / (TN + FP) \quad (4)$$

d. Le F1-score : il est souvent utilisé lorsque les classes sont déséquilibrées. Il combine deux métriques principales : la précision (precision) et le rappel (recall). Ces deux métriques sont calculées à partir de quatre valeurs de base : vrai positif (TP), faux positif (FP), vrai négatif (TN), et faux négatif (FN).

La formule du F1-score est la suivante :

$$F1 = \frac{2 \times Precision \times Recall}{Precision + Recall} \quad (5)$$

e. La courbe ROC (Receiver Operating Characteristic): est une représentation graphique de la performance d'un modèle de classification à différents seuils de décision. Elle est particulièrement utilisée pour évaluer les modèles de classification binaire. La courbe ROC trace le taux de vrais positifs (sensibilité) en fonction du taux de faux positifs (1 - spécificité) à différents seuils de classification. La courbe ROC est tracée en plaçant le taux de vrais positifs sur l'axe des ordonnées et le taux de faux positifs sur l'axe des abscisses. Idéalement, on souhaite que la courbe ROC soit proche du coin supérieur gauche, ce qui représente une sensibilité élevée (faible taux de faux négatifs) et une spécificité élevée (faible taux de faux positifs).

f. La courbe AUC-ROC : En plus de la courbe ROC, on utilise souvent l'AUC-ROC (Area Under the ROC Curve) pour quantifier la performance globale du modèle. Un

AUC-ROC élevé (proche de 1) indique une meilleure performance du modèle dans la discrimination entre les classes positives et négatives.

Il est important de souligner que l'évaluation d'un modèle ne se limite pas à une seule mesure. Chaque métrique offre une perspective unique sur la performance, et le choix dépend du contexte spécifique et des objectifs du problème. La précision, le rappel, le F1-score, et la courbe ROC avec son AUC fournissent des informations complètes sur la capacité du modèle à gérer les différentes facettes de la classification. Il est recommandé de considérer ces métriques de manière holistique, en tenant compte du compromis entre la sensibilité et la spécificité, ainsi que des implications pratiques de chaque type d'erreur. L'utilisation judicieuse de ces métriques permet d'affiner et d'optimiser les performances du modèle en fonction des exigences spécifiques de l'application.

I.6 **Conclusion**

Dans ce chapitre, nous avons posé les fondements médicaux essentiels pour notre étude, détaillant le mélanome, la dérmoscopie, et le dérmoscope, tout en explorant les outils cliniques dédiés au diagnostic de cette pathologie. de plus, nous avons introduit les systèmes automatiques d'aide au diagnostic (CADs) du mélanome, exposant leurs cycles de vie, évaluant leurs performances, et fournissant une description détaillée des bases de données des images dermoscopiques, PH2, ISIC et Brodatz, utilisées dans notre recherche [17].

Le diagnostic clinique du mélanome repose sur l'analyse des caractéristiques de la lésion visibles dans l'image dermatologique. Les études soulignent le danger significatif du mélanome, surtout en l'absence de dépistage précoce. Il devient impératif d'établir une collaboration étroite entre dermatologues et informaticiens pour automatiser efficacement le processus de diagnostic de ce cancer de la peau.

La segmentation et la classification des images dermoscopiques sont indispensables dans le processus de diagnostic du mélanome. Le prochain chapitre sera dédié à une revue de la littérature sur ces deux techniques, approfondissant notre compréhension des méthodes existantes.

Chapitre II. État de l'Art : Segmentation et Classification d'Images Dermoscopiques

II.1 Introduction

Le domaine de la dermatologie et de la détection précoce du mélanome a connu une transformation profonde grâce aux avancées technologiques en imagerie médicale, en vision par ordinateur et en apprentissage automatique. La segmentation et la classification des images dermoscopiques sont devenues des éléments clés dans la prise de décisions cliniques, offrant aux dermatologues et aux professionnels de la santé des outils de diagnostic avancés pour la détection précoce des lésions cutanées potentiellement malignes.

Ce chapitre de la thèse se consacre à une revue de la littérature dans le domaine de la segmentation et de la classification des images dermoscopiques. Notre objectif est de tracer les avancées significatives, les méthodes novatrices et les tendances récentes qui ont émergé dans ce domaine. En explorant les travaux antérieurs et actuels, nous visons à identifier les défis spécifiques, les réussites notables et les opportunités de recherche qui façonnent le paysage actuel de la dérmoscopie numérique.

Ce chapitre débute par un rappel sur la notion de segmentation d'images et son importance. Ensuite, nous passons en revue les différentes techniques mentionnées dans la littérature pour la segmentation. Nous examinons ensuite les méthodes classiques de segmentation, en mettant en évidence leurs limitations dans le contexte de la détection des lésions dans les images dermoscopiques. Par la suite, notre attention se porte sur la classification un élément essentiel de l'analyse des images dermoscopiques. Nous explorons les différentes approches et méthodes de classification qui ont été développées pour distinguer le mélanome de la peau saine. Nous explorons aussi les travaux antérieurs pour le diagnostic du mélanome.

Pour conclure ce chapitre, nous synthétisons les éléments essentiels qui ont été explorés, préparant ainsi le terrain pour la poursuite de notre rapport.

II.2 Segmentation d'images

La segmentation d'images est une étape incontournable dans tout processus d'analyse d'image. C'est un traitement de bas niveau qui précède l'étape de mesure, de compréhension et de la prise de décision dans un traitement d'image. Son objectif consiste à partitionner l'image en régions d'intérêt connexes et homogènes au sens d'un critère d'homogénéité pas toujours simple à définir, cette complexité est bien présente, dans le domaine d'intérêt de cette thèse, qui a comme objectif la séparation avec précision de la zone contenant la lésion de celle de la peau saine dans les images dermoscopiques. Avant tout, il convient de définir la technique de segmentation en traitement d'image et de préciser son importance, dans un système d'aide au diagnostic du mélanome. Bien entendu, cette technique est globalement indépendante du domaine d'application (médical, jeux...) bien que chacun de ceux-ci a, comme dans le cas du domaine médical, ses méthodes préférées [17].

II.2.1 Définition et principe

Segmenter une image, c'est tout simplement séparer les différents objets qui composent cette image. Elle consiste à séparer, et à déterminer, les différentes régions de l'image en fonction de certains critères d'homogénéité [18]. La segmentation est la partition d'une image R en un nombre fini de régions Ri, i=1,..,s telle que aucune région ne soit vide et l'intersection entre deux régions soit vide et l'ensemble des régions recouvre toute l'image. Une région est un ensemble de pixels connexes ayant des propriétés communes qui les différencient des pixels des régions voisines.

Mathématiquement parlons, une segmentation en régions homogènes d'une image R pour un prédicat P est une partition R_i de R telle que [19] :

$$R = \bigcup_{i=1}^{s} R_i, \tag{6}$$

$$R_i \cap R_j = \emptyset, \quad \text{pour tout } (R_i, R_j) \in R^2, \ i \neq j \tag{7}$$

$$P(Ri)=VRAI, \quad \text{pour tout } R_i \in R \tag{8}$$

$$P(R_i \cup R_j) = FAUX \quad \text{pour tout } (R_i, R_j) \in R^2, i \neq j, \quad R_i \text{ et } R_j \text{ adjacentes} \tag{9}$$

- La première condition assure que tous les éléments d'une image appartiennent à une région et donc que l'union des régions représente l'image entière.
- La deuxième condition indique que les régions ne se recouvrent pas : il n'y a pas d'intersection entre les régions, un pixel dans l'image appartient à une seule région.
- La troisième condition indique que chaque région doit être homogène d'après le critère défini par le prédicat.
- Enfin la dernière condition précise que la fusion de deux régions adjacentes ne doit pas être homogène.

Ainsi, chacune des régions de l'image, dois correspondre à un objet dans l'image, car, dans ce processus d'analyse d'images, l'objectif ultime est d'être en mesure de décomposer l'image en un groupe d'objets d'intérêt distincts afin de les distinguer en les isolants du fond ou des autres structures. En général, ces objets ont des propriétés qui leur sont propres par rapport à l'image elle-même. Ainsi, il est possible de distinguer de tels objets par différentes mesures telles que leur aspect connexe, leur couleur cohérente, leurs contours, leur texture et des informations a priori [20].

II.2.2 Différentes techniques de la segmentation

À partir de la définition de la segmentation d'image et de son principe, il existe de nombreuses méthodes de segmentation, qui peuvent être, classées en deux grandes familles, (figure II-1), des approches fondées sur la recherche des régions (region-based segmentation), ce genre d'approches est basé sur la détection de la similarité dans les images pour regrouper les pixels dans des régions convenables, comme : la croissance de région (region-growing), ou la décomposition/fusion des régions (split and merge). D'autres approches se basent sur les contours (edge-based segmentation), l'idée dans ces techniques est basée sur la détection de la discontinuité dans l'image pour extraire les contours, dont on aura un changement abrupts dans la fonction de luminance [21].

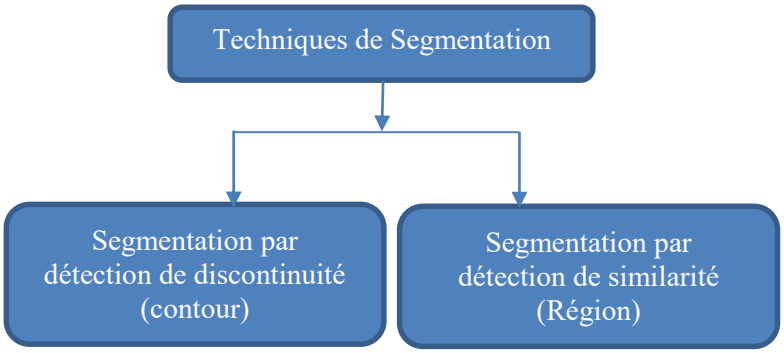


Figure II. 1: Techniques de segmentation

Les autres types de techniques de segmentation, comme celles à base de la classification, sont classés dans l'un des deux catégories [21].

Bien qu'il existe une multitude d'algorithmes de segmentation selon le domaine et les contraintes étudiés, qui peuvent fondées sur la recherche de régions, la détection de contour ou la classification des pixels, pour particulièrement les images dermoscopiques, on trouve nombreuses méthodes qui ont été proposées dans la littérature. Dans [22] , Celebi et al. ont entamé l'état de l'art et le problème existant dans la segmentation des lésions cutanées pour les images dermoscopiques. Dans leur travail [22] les différentes méthodes de segmentation sont classées dans les sous-catégories suivantes :

•**Seuillage de l'histogramme** : Ces méthodes incluent la détermination d'une ou plusieurs valeurs de seuil de l'histogramme qui servent à extraire les objets (ROI) de l'arrière-plan [23].

• **Clustering** : obtention de régions homogènes en utilisant des algorithmes de regroupement de couleurs comme K_Means et Fuzzy c-Means.

•**Contour** : basé sur les opérateurs appliqués au contour comme Sobel et Canny[24].

• **Région** : consiste à regrouper les pixels de l'image en régions homogènes en utilisant la fusion, la division de régions ou les deux[25].

•**Morphologie mathématique** : comporte la détection des contours par l'utilisation de la transformation de la ligne de partage des eaux.

•**Basé sur un modèle** : il s'agit de la modélisation des images en champs aléatoires.

• **Contours actifs** : connu snack, et leurs extensions.

•**Soft computing** : en utilisant des techniques de classification des pixels par les techniques de soft-computing comme les réseaux de neurones, la logique floue, et le calcul évolutionnaire [26].

a) Segmentation par seuillage de l'histogramme

Les méthodes de segmentation par seuillage (ou thresholding en anglais) sont des méthodes simples, qui ont connu un succès dans l'imagerie médicale, grâce à leur facilité de mise en œuvre et de leur rapidité. Ce type de méthode se base sur l'hypothèse que les différentes régions de l'image se caractérisent par leurs niveaux de gris. Ainsi, pour avoir une segmentation, il suffit de trouver les seuils qui sont les valeurs des niveaux de gris délimitant chaque région. Toutes les méthodes de seuillage tentent de trouver les seuils optimaux, de sorte à séparer les différentes régions de l'image.

Les méthodes de seuillage utilisent principalement l'histogramme d'image, afin de déterminer les concentrations de pixels autour de certains niveaux de gris pour déterminer, par la suite, les différents seuils situés entre ces derniers.

Une fois les seuils déterminés, l'affectation des pixels s'effectue selon la formule suivante :

$$I_{seg}(i,j) = k \qquad si\ S_k \leq I(i,j) < S_{k-1} \qquad pour\ k = 1,\dots,N \tag{10}$$

Où :

- I(i, j) : représente le niveau de gris du pixel ayant les coordonnées (i, j) dans l'image à segmenter.
- I_{seg}(i, j) : représente le label affecté au pixel ayant la position (i, j) dans l'image résultant de la segmentation.
- S_k : est le $k^{ème}$ seuil.
- N : est le nombre de régions présentes dans l'image à segmenter

En pratique, il est souvent compliqué de trouver les seuils à cause des recouvrements de classes et dans le cas où l'histogramme ne reflète pas le nombre de classes.

Dans la littérature, plusieurs méthodes de seuillage ont été proposées [27] . On peut les classer en deux catégories : les méthodes **paramétriques** et les méthodes **non-paramétriques**. Les méthodes paramétriques reposent sur l'hypothèse que les régions (classes) de l'image suivent des fonctions de densité de probabilité. Généralement, une combinaison de Gaussiennes est utilisée. La première étape consiste à estimer les paramètres des modèles, et la deuxième étape consiste à déterminer les seuils (intersection des modes). Les méthodes non-paramétriques, comme leur nom l'indique, ne nécessitent pas d'estimation de paramètres pour trouver les seuils optimaux. Ces méthodes sont basées généralement sur l'optimisation d'un critère. Les méthodes non-paramétriques de référence sont la méthode *d'Otsu* [28] , basée sur la minimisation du rapport entre la variance intraclasse et la variance interclasse, et la méthode de *Kapur* [29] , basée sur la maximisation de l'entropie globale de Shannon.

Les méthodes de segmentation par seuillage sont relativement simples et fonctionnent également assez bien, cependant, elles ne sont valables que pour un nombre limité de cas. De plus, leur application produit un ensemble de points connexes, qui se rapprochent globalement, des objets de l'image que l'on veut récupérer, mais ne définissent pas un objet en tant que tel, c'est pour cela qu'elles ne sont pas suffisantes pour la segmentation de la lésion dans une image dermoscopique. Une autre méthode de segmentation par régions prend soin de son côté, de réussir là où la segmentation par seuillage échoue, c'est la segmentation par croissance de régions.

b) Segmentation par croissance de régions

Dans ces méthodes de segmentation, l'idée de base consiste à fixer, en premier lieu, un ensemble de pixels représentatif de chaque région, comme des points de départ dans l'image appelés 'germes'. Ensuite, les régions se construisent au fur et à mesure, en ajoutant les pixels connexes à leurs germes. Les pixels qui sont ajoutés à la région doivent vérifier un certain critère de similarité (ou de distance) entre les pixels à ajouter et la région construite. Plusieurs méthodes de croissance de régions ont été proposées dans la littérature, utilisant différents critères de similarité. Ces méthodes ne sont généralement pas utilisées seules, mais dans une chaîne de traitement [30] . Ces méthodes ont trois inconvénients majeurs : elles nécessitent l'intervention d'un opérateur pour initialiser les germes, utilisent des seuils pour décider d'ajouter un pixel ou non, et leur sensibilité aux bruit peut créer des trous à l'intérieur des régions.

➲Tout comme la méthode de seuillage, la difficulté de la méthode de croissance de régions réside essentiellement dans la détermination du critère d'arrêt. Celui-ci peut être une valeur à priori, issue de données physiologiques ou peut être plus sophistiqué.

c) L'algorithme du labyrinthe

L'algorithme du labyrinthe, également connu sous le nom d'algorithme de recherche de chemin, est une méthode utilisée pour trouver un chemin à travers un labyrinthe ou un graphe. L'objectif est de naviguer du point de départ au point de destination en suivant le chemin optimal. Il existe plusieurs variantes de cet algorithme, mais l'une des approches les plus courantes est l'algorithme de recherche en profondeur (Depth-First Search, DFS) ou l'algorithme de recherche en largeur (Breadth-First Search, BFS).

Le déroulement est le suivant :

- On part d'un point M initial donné sur l'image.
- M est marqué comme appartenant à la région.
- On vérifie pour chaque point voisin de M s'il satisfait au critère d'homogénéité et s'il n'a pas été déjà visité :
    - Si oui, on applique la même procédure au voisin.
    - Si non, on arrête la procédure.

Cette algorithme, simple et puissant, assure de toucher tous les points d'un domaine qui vérifie le critère d'homogénéité. Cependant elle est assez gourmande en ressources machine.

d) Segmentation par fusion de régions

Consiste à considérer chaque pixel comme une région et de fusionner les pixels voisins pour agrandir la région. Deux régions adjacentes sont fusionnées si une portion significative de leur frontière commune contient en fait des côtés faibles 'weak edges'. Cette portion significative est en fait un seuil dressé par rapport au 'crack edge value' qui correspond à la variation d'intensité entre 2 pixels voisins :

$$v_{ij} = \begin{cases} 0 \; si \; s_{ij} < T_1 \\ 1 \; sinon \end{cases} \quad (11)$$

Condition d'existence de côtés dits significatifs, Où $v_{ij} = 1$ est un côté significatif, $v_{ij} = 0$ est un 'weak edge', T est un seuil et s_{ij} est la variation d'intensité entre deux pixels voisins ('crack edge value')

On présente ci-dessous, un algorithme général pour la segmentation par fusion de régions :

• Tous les pixels sont visités systématiquement.
• Test d'un prédicat P sur chaque carré de 2 × 2 pixels :
Si P est vrai, les 4 pixels sont regroupés en une région.
• Une fois toute l'image parcourue : test du prédicat sur des groupes de 2 × 2 régions (formées à l'étape précédente).
•Le prédicat est testé en considérant la moyenne de la région 2× 2.
•S'il est accepté, les 4 régions sont regroupées en une seule région.

Algorithme 1: Fusion des régions

D'un point de vue résultat, ce genre de segmentation mène généralement à une division grossière de l'image ou du volume.

e) Segmentation par détection de contours

Les méthodes de segmentation d'image par détection de contours se basent sur la détection des discontinuités au sein des niveaux de gris des pixels, qui présentent des variations des valeurs des pixels dans l'image. Ce type d'approches a débuté de façon empirique par des opérateurs locaux qui, soit convolaient l'image par des masques caractéristiques des contours, soit estimaient un gradient [31] . Les outils les plus utilisées pour la détection de contour dans une image sont les masques comme **Sobel**, **Roberts**, **Gradient** et **Prewitt**, ainsi que les détecteurs de passage par zéro du laplacien. Dans les années 80, des approches plus systématiques ont été mises en œuvre par **Marr** [32] , puis par **Canny** [24] , pour obtenir des contours plus significatifs. Ces travaux ont abouti à une bonne compréhension de ce qu'il faut faire pour détecter les contours, mais la définition même des contours demeure très vague, ce qui rend ces techniques encore peu efficaces

sur un problème concret. de plus, on a pu montrer que le problème de détection de contours est généralement mal posé [33] . Les seuls modèles de contours utilisables sont ceux de contours idéalisés. C'est pourquoi, même si de très gros progrès ont été accomplis dans ce domaine, les techniques empiriques d'estimation du gradient proposées dans les années 70-80 restent souvent encore employées en concurrence de techniques plus modernes.

f) **Remarque**

Les méthodes de segmentation habituelles, mentionnées précédemment, ne conviennent pas à la détection de la lésion dans une image dermoscopique, chaque méthode ayant ses propres limites et contraintes. En effet, les méthodes de segmentation basées sur le contour sont sensibles au bruit et ne produisent pas de meilleurs résultats pour une image non stationnaire, présentant des variations significatives en termes de textures, de couleurs, de formes et d'autres caractéristiques à différents endroits de la peau. La segmentation basée sur la région pose deux défis, à savoir la détermination du pixel germe initial, et le critère d'arrêt de l'algorithme. Quant à la segmentation par seuillage, les résultats dépendent de la valeur du seuil choisi. Pour ces raisons, le paragraphe ci-dessus introduit la segmentation par classification, offrant une nouvelle approche pour la segmentation des images en tirant parti des performances des algorithmes de clustering.

II.2.3 Segmentation par classification

Les méthodes de classification (ou *clustering en anglais*) issues de l'analyse de données permettent de regrouper des objets possédant des propriétés similaires [34] . Donc elles constituent une solution naturelle pour réaliser une segmentation d'images. Pour cela la segmentation d'image est vue comme un problème de classification, tel que l'idée est de regrouper les pixels à base de leurs similarités ou des propriétés de ressemblance (ou de dissemblance) de l'image. La segmentation par classification consiste à associer chaque pixel de l'image à une région. De là les méthodes de classification comme K-Means, FCM, SVM, peuvent être adoptées pour les problèmes de segmentation d'image. Ces techniques itératives sont utilisées pour classer les pixels de l'image dans K classes. Chaque pixel est attribué à une classe en se mesurant la distance minimale entre le pixel et le centre de la classe.

Plusieurs méthodes de segmentation par classification ont été proposées dans la littérature [35] [36] [37] , et elles peuvent être classées en deux approches, qui sont :

- Classification probabiliste : qui est celle aussi soit paramétrique comme Mélange de loi ou non-paramétrique comme la machine à Vecteur de support (SVM)
- Classification déterministe : à savoir classification supervisée et la classification non supervisée. La classification supervisée nécessite une base d'apprentissage comme les Réseaux de Neurones (RNA) et La classification non supervisée comme Mean shift, K_Means et la FCM (Fuzzy Clustering Means) et ses extensions.

II.2.4 Approches antérieures pour la segmentation d'images dermoscopiques

Plusieurs méthodes ont été développées et évaluées dans le domaine de la segmentation d'images dermoscopiques, chacune cherchant à améliorer la précision et l'efficacité de cette étape essentielle du diagnostic du mélanome. Dans [38] , Delgado et al. ont effectué la segmentation, en utilisant de l'IHP, méthode basée sur l'accomplissement d'une transformation linéaire sur un autre espace de couleur dans lequel la segmentation est faite en utilisant des techniques de seuillage d'histogramme. Avec une idée similaire à la précédente, dans [39] , Garnavi et al. Ont opté pour la projection de l'image dermoscopique sur les différents canaux de couleur, faisant ensuite la segmentation en deux régions, par seuillage d'histogramme, en utilisant la méthode Otsu, dans le but d'obtenir la projection optimale. Dans [40] , Celebi et al. ont proposé une méthode basée sur la fusion de quelques méthodes de seuillage, en utilisant les champs de Markov aléatoires (MRF). Dans [41] , Schmid et al. ont effectué la segmentation sur la base des c-moyens flous (FCM). Dans [42] , Cucchiara et al. ont utilisé aussi cette méthode, en accordant une attention aux problèmes de la couleur, ainsi qu'aux aspects topologiques, guidant la récursivité de l'algorithme par l'évaluation des propriétés d'adjacence et d'inclusion mutuelle des régions extraites. Dans [43] , Zhou et al. ont modifié l'algorithme FCM en se basant sur un décalage moyen améliorant le coût de calcul. Dans [44] , Melli et al. ont comparé quatre méthodes de classification des couleurs qui sont : la médiane, k-moyennes, FCM et le moyenneur, cette dernière ayant obtenu les meilleurs résultats. Dans [40] , Celebi et al. ont effectué la segmentation en utilisant l'algorithme JSEG basé sur la quantification des couleurs et la segmentation spatiale. Dans [45] , Celebi et al. ont utilisé l'algorithme de fusion des régions statistiques, en comparant les résultats avec six méthodes de l'état de l'art, ils ont obtenu

de bons résultats. L'utilisation de la technique des bassins-versants a été proposée dans certains travaux; l'un des travaux les plus pertinents est présenté dans [46] , où Wang et al. ont utilisé l'approche des bassins-versants, en ajoutant, pour l'amélioration des résultats de la segmentation, un post-traitement par une correction basée sur les réseaux de neurones. La technique des contours actifs est normalement utilisée dans les systèmes semi-automatiques, qui nécessitent une certaine interaction de la part de l'utilisateur, bien qu'il existe également des méthodes dans lesquelles cette interaction n'est pas entreprise, comme [47] , dans laquelle Erkol et al. ont utilisé une méthode basée sur le gradient Vector flow (GVF) avec une initialisation automatique. Plus récemment, dans [48] , Zhou et al. ont proposé un algorithme amélioré basé sur la méthode GVF et, dans [49] , Abbas et al. ont présenté un travail en utilisant le modèle de contour actif dans l'espace des couleurs uniformes basé sur CIECAM02, pour réaliser une adaptation à la perception humaine.

II.2.5 Contraintes liées à la segmentation des images dermoscopiques

La segmentation est une étape primordiale pour l'extraction des informations quantitatives de l'image dermoscopique. Elle fournit une description de haut niveau de l'image, de sorte qu'après la phase de segmentation, chaque pixel est attribué à une région et chaque région à une partie sémantique de l'image [50] .

La segmentation d'image a la possibilité d'améliorer l'analyse d'image en fournissant des informations et des caractéristiques utiles qui ne sont parfois pas observées dans l'image originale. Dans le cas de la détection du mélanome en utilisant des images dermoscopiques, la segmentation d'image vise à extraire avec précision la zone contenant la lésion de celle de l'arrière-plan qui représente la peau saine. La segmentation de la lésion dans l'image dermoscopique est une étape incontournable dans un processus de diagnostic du mélanome car elle permet l'identification de différents signes cliniques de l'image, localement et globalement. En outre, les bords de la lésion segmentée fournissent des informations utiles pour les utiliser dans l'analyse de la lésion. Ainsi, une bonne segmentation de la lésion mène à l'extraction des caractéristiques souhaitées, et par conséquent à une correcte classification et donc un diagnostic précis. de là, on peut dire que les résultats définitifs du diagnostic du mélanome dépendent en grande partie de la qualité de la segmentation de la lésion [51] . Cependant, il est difficile de définir un critère pour séparer avec précision la lésion pigmentée de la peau saine dans une image dermoscopique. En fait, la plupart

des nævi présentent une zone floue sur leurs bordures caractérisée par une lente transition prolongée d'une région dense (noyau) à des tissus environnants. La majorité des techniques de segmentation, notamment par seuillage d'histogrammes ou celles basées sur la classification dure, n'intègrent pas la notion d'incertitude au niveau des frontières de la région d'intérêt. Cela est expliqué par les travaux antérieurs cités dans le paragraphe précédent, qui montrent que les chercheurs ont accordé un grand intérêt à la classification à base de la logique floue pour la segmentation des images dermoscopiques. Ainsi, dans ce travail, nous introduisons une nouvelle approche pour la détection des lésions en se basant sur la classification floue, qui tient compte de cette incertitude.

II.3 La classification des images dérmoscopiques

II.3.1 Définitions et concepts

La classification d'images est une branche de l'apprentissage automatique qui vise à attribuer des images à des catégories prédéfinies en fonction de leurs caractéristiques visuelles**.** La classification d'images peut être supervisée ou non supervisée. Dans la classification supervisée, le modèle est formé à partir d'un ensemble de données d'entraînement comprenant des images étiquetées, où chaque image est associée à une catégorie ou une classe spécifique. Le modèle apprend à partir de ces étiquettes et peut ensuite prédire la classe d'une nouvelle image.

En classification non supervisée, il n'y a pas d'étiquettes de classe fournies, et le modèle tente de regrouper les images en fonction de leurs caractéristiques visuelles similaires [52] .

II.3.2 Méthodes de Classification d'Images

Plusieurs techniques et algorithmes sont utilisés pour la classification d'images [52] , notamment:

a) **Réseaux de neurones convolutifs (CNN)**

Les Réseaux de Neurones Convolutifs (CNN) sont une avancée majeure dans le domaine de la classification d'images, notamment dans le contexte de l'apprentissage profond. Modélisés pour imiter le traitement visuel du cerveau humain, les CNN se révèlent particulièrement

performants dans la détection de motifs complexes au sein des images. L'élément distinctif des CNN réside dans l'utilisation de couches de convolution, permettant l'extraction automatique de caractéristiques hiérarchiques à différentes échelles spatiales. Composés de multiples couches, incluant des couches de convolution, de pooling et de classification, les CNN démontrent leur capacité à filtrer, réduire la dimension spatiale et attribuer des étiquettes aux images en fonction des caractéristiques extraites[53] . Leur efficacité a été prouvée dans diverses applications, de la reconnaissance d'objets à la classification d'images médicales, faisant d'eux un choix privilégié en vision par ordinateur [54] .

b) **Descripteurs d'images**

Ces techniques extraient des caractéristiques pertinentes à partir des images, telles que les histogrammes de couleurs, les caractéristiques de texture, et les caractéristiques de forme, qui peuvent être utilisées pour la classification. Les algorithmes de classification utilisent ensuite ces descripteurs pour entraîner un modèle qui peut identifier et catégoriser différents objets ou scènes dans les images. Cela peut être particulièrement utile dans des domaines tels que la reconnaissance d'objets, la détection de maladies à partir d'images médicales, ou la classification d'images pour la sécurité.

Il existe plusieurs types de descripteurs d'images, et le choix dépend souvent du problème spécifique à résoudre. Certains descripteurs populaires incluent les histogrammes de couleurs, les moments de forme, les caractéristiques de texture basées sur la transformée de Gabor, et bien d'autres [55] .

c) **Méthodes de transfert d'apprentissage**

Les méthodes de transfert d'apprentissage sont des approches puissantes utilisées en apprentissage automatique, en particulier dans le domaine de la vision par ordinateur. Ces méthodes consistent à transférer des connaissances acquises lors de l'apprentissage sur une tâche vers une autre tâche similaire, permettant ainsi d'améliorer les performances du modèle sur la nouvelle tâche, même avec des quantités limitées de données d'entraînement. Le transfert d'apprentissage peut être réalisé de plusieurs manières, notamment en utilisant des réseaux pré-entraînés sur des ensembles de données massifs comme ImageNet, puis en ajustant ces modèles à

des tâches spécifiques. Cela permet aux modèles de bénéficier de la capacité de généralisation acquise lors de l'entraînement sur des données diverses [56] .

II.3.3 Classification par SVM et KSVM

Une SVM (Support Vector Machine) ou Machine à Vecteurs Supports est une famille d'algorithmes issus de la théorie de l'apprentissage statistique, [57] utilisée dans la phase de classification de notre système de reconnaissance du mélanome. Dans cette partie on présente une description de la méthode SVM ainsi que sa version améliorée, la méthode KSVM.

Les SVM appelés aussi séparateurs à vaste marge sont des méthodes de classification à noyaux, inspirées de la théorie statistique de l'apprentissage de Vladimir Vapnik, introduite en 1995 [57] . Il s'agit d'un outil de classification binaire par apprentissage supervisé. Cette méthode est donc une alternative récente pour la classification. Elle repose sur l'existence d'un classificateur linéaire dans un espace approprié. Puisque c'est un problème de classification à deux classes, cette méthode fait appel à un jeu de données d'apprentissage pour apprendre les paramètres du modèle. Elle est basée sur l'utilisation de fonction dite noyau (kernel) qui permet une séparation optimale des données. La justification intuitive de cette méthode de classification est la suivante : si l'échantillon d'apprentissage est linéairement séparable, il semble naturel de séparer parfaitement les éléments des deux classes de telle sorte qu'ils soient le plus loin possibles de la frontière choisie.

Le succès de cette méthode est justifié par bases théoriques solides qui la soutiennent. Elles permettent d'aborder des problèmes très divers à part la classification. SVM est une méthode particulièrement bien adaptée pour traiter des données de très haute dimension[58] .

II.3.4 Approches antérieures pour la classification automatique du mélanome

Plusieurs systèmes d'aide au diagnostic du mélanome, ou Computer-Aided Diagnosis (CAD) ont été présentés dans la littérature. Les premiers systèmes sont généralement basés sur des diagnostics cliniques du mélanome et des outils de traitement d'images, tandis que les plus récents ont utilisé des modèles d'apprentissage automatique (ML) et d'apprentissage en profondeur (DL) pour la tâche de détection. Les études actuelles ont exploré des approches hybrides pour le diagnostic du mélanome.

En utilisant le diagnostic clinique et le traitement d'images : Gola et al. [59] ont proposé une méthode non invasive pour le diagnostic du mélanome, basée sur l'approche ABCD et la reconnaissance de formes. Ils ont obtenu une précision moyenne virtuelle de 100 %, 89 % et 95 % pour la règle ABCD, la reconnaissance globulaire et réticulée respectivement, mais ils ont testé leur approche sur une petite base de données (40 images RVB). Dans leur article, Alfed et Khelifi [60] ont créé un répertoire ou code-book pour la détection du mélanome en combinant deux code-books générés, basés sur l'histogramme de gradient de (HG) et l'histogramme de lignes (HL) respectivement. Leurs résultats ont été testés dans la base de données HPH avec une précision de 98,79 % et dans la base de données standard Dermofit avec une précision de 92,96 %. Kumar et al. [61] ont utilisé une approche inspirée par DE-ANN pour la détection du cancer de la peau en utilisant un regroupement Fuzzy C-Means. Testés dans les bases de données HAM10000 et PH2, ils ont obtenu une précision d'environ 97 %.

En utilisant l'apprentissage automatique : Dans [62] , Codella et al. ont proposé un système combinant les résultats obtenus à partir d'ensembles de méthodes d'apprentissage en profondeur utilisées pour la segmentation et l'analyse de lésions cutanées dans des images dermoscopiques, telles que les réseaux de neurones convolutionnels (CNN) et la codification parcimonieuse. Ils ont obtenu une précision de 83,4 % et une précision de 64,9 % dans un ensemble de données de référence. Yu et al [63] ont utilisé un modèle d'apprentissage en profondeur avec un réseau résiduel pour la détection et la segmentation des lésions du mélanome. L'image dermoscopique a été recadrée pour détecter le masque de la lésion, puis chaque image recadrée a été classée comme mélanome ou non mélanome. Ils ont obtenu une précision moyenne et une précision de 85,5 % et 63,7 % respectivement. Xie et al. [64] ont utilisé une approche d'ensemble de réseaux neuronaux artificiels (ANN) pour classifier les images dermoscopiques dans le cadre d'un système de CAD pour le diagnostic du mélanome. Ils ont obtenu des mesures de précision de 91,11 % et 94,17 % respectivement, sur deux bases de données privés. Tajeddin et al. Dans [65] ont ajouté plusieurs caractéristiques basées sur différentes propriétés des images dermoscopiques telles que la forme, la couleur et la texture pour diagnostiquer le mélanome. Ils ont utilisé le Boost, un classifieur de renforcement, pour la classification avec une précision de 97 %. Moradi et Mahdavi-Amiri [66] ont utilisé un modèle basé sur la représentation parcimonieuse du noyau pour la segmentation et la classification des lésions cutanées. Ils ont obtenu une précision de 94 %, une sensibilité de 98 % et

une spécificité de 93 %. Al-Masni et al. [67] ont travaillé avec un réseau de convolution intégré (CNN ou ConvNet) pour étiqueter les lésions en classes différentielles. Ils ont utilisé un modèle CNN pré-entraîné pour l'analyse des images et ont obtenu une précision moyenne de 83 %. Jojoa Acosta et al. [68] ont proposé, dans leur travail, un modèle basé sur des techniques d'apprentissage en profondeur sur des images dermoscopiques pour le diagnostic du mélanome. Ils ont testé leur modèle sur la base de données du challenge de 2017 de l'International Symposium on Biomedical Imaging, et les résultats étaient une augmentation de la précision de 3,66 % et de la précision équilibrée de 9,96 %.

Pour les approches hybrides : le modèle proposé par Khan et al. [69] est basé sur un vecteur super-caractéristique hybride et le classificateur SVM. Ils ont testé leur travail sur l'ensemble de données DERMIS (397 images) et ont obtenu une précision de 96 %. Dans leur travail, Almaraz-Damian et al. [70] ont utilisé une combinaison de caractéristiques inspirées par la règle ABCD et de caractéristiques d'apprentissage en profondeur extraites par un classificateur CNN. La base de données utilisée pour le test est ISIC 2018. Dans [71] , Filali et al. ont créé une fusion efficace de caractéristiques manuelle (Handcrafted features) et de caractéristiques pré-entraînées de CNN, qu'ils ont utilisée comme entrée pour un classificateur SVM pour le diagnostic du mélanome. Ils ont utilisé les ensembles de données PH2 et ISIC 2017 pour le test. Leurs résultats étaient les suivants en utilisant l'indice Kappa, la F-mesure et le taux de précision respectivement : 96,63 %, 94,69 % et 98 % pour la base de données PH2 et 55,68 %, 62,73 % et 87,8 % pour la base de données ISIC.

II.4 **Conclusion**

Dans ce chapitre, nous avons mené une exploration de l'état actuel de la segmentation et de la classification des images dermoscopiques. Nous avons introduit les concepts essentiels liés à ces deux domaines, tout en examinant les travaux antérieurs significatifs qui ont déjà été proposés dans la littérature pour ces deux approches. Toutefois, notre exploration ne s'arrête pas là. Les prochaines sections, en chapitre trois présentant la méthodologie de notre travail, plongeront plus profondément dans les autres techniques et algorithmes que nous avons intégrés dans nos contributions.

Chapitre III.Techniques de Recherche et Méthodologie

III.1 Introduction

Dans ce chapitre, nous exposons la méthodologie de notre travail de recherche. Tout d'abord, nous détaillons les outils sur lesquels reposent nos contributions en matière de segmentation, à savoir la segmentation par classification floue, la décomposition objet-texture de l'image, ainsi que la segmentation par Optimisation par colonies de fourmis. Ensuite, nous présentons l'approche d'apprentissage ensembliste, pour la classification des images dérmoscopiques, utilisée dans notre dernière contribution.

III.2 Segmentation par la classification floue

En traitement d'images, la théorie des ensembles flous permet la gestion de l'incertitude et de l'imprécision en reconnaissance de formes, en segmentation, en filtrage, en recalage, et pour des études plus avancées telles que la topologie floue et la distance floue entre les objets. Le principe de la classification floue est d'affecter un élément à classer non pas à une classe comme dans les approches classiques (dont fait partie la méthode des k-Means), mais à toutes les classes avec un certain degré. Ce principe découle de ce qu'on appelle la logique floue, qui est venue compléter la logique classique. Zadeh (1965) a introduit la logique des ensembles floue qui doivent être incorporée dans des méthodes de classification pour représenter l'incertitude et l'incertain de notre vie. En ce qui concerne la segmentation chaque pixel peut appartenir à plusieurs classes avec un degré d'appartenance. Ce sont les débuts de la classification floue pour la segmentation des images.

III.2.1 Définitions et concepts

Soit S l'univers ou espace de référence. S est un ensemble classique (ou net). On notera les éléments (ou points) de S : x, y, …

En traitement d'images, S sera typiquement l'espace dans lequel est définie l'image, soit Zn ou Rn, avec n=2, 3, … Les éléments de S sont alors les pixels de l'image. L'univers S peut également être un ensemble de valeurs prises par des caractéristiques de l'image (l'échelle des

niveaux de gris par exemple). Les éléments de *S* sont alors des valeurs de niveaux de gris. L'ensemble *S* peut également être un ensemble de primitives ou objets extraits des images (segments, régions, objets, .. .) dans une représentation de plus haut niveau du contenu de l'image.

Un sous-ensemble *X* de *S* est défini par sa fonction caractéristique μ(X), telle que :

$$\mu(x) = \begin{cases} 1 \; si \; x \in X \\ 0 \; sinon \end{cases} \quad (12)$$

La fonction caractéristique μ(X) est une fonction binaire, spécifiant l'appartenance (binaire) de chaque point de *S* à *X*.

La théorie des ensembles flous traite de l'appartenance **graduelle**. On définit alors un sous-ensemble de *S* par sa fonction d'appartenance

$$\mu : S \rightarrow [0, 1]$$

On note μ l'ensemble flou défini par le couple $(x, \mu(x))$. On note *N* le cardinal de *S*.

III.2.2 Principe de l'Algorithme des c-moyens flous (FCM)

L'algorithme des C-Moyens Flous (Fuzzy C-Means) [72] est un algorithme de classification floue fondé sur l'optimisation d'un critère quadratique de classification où chaque classe est représentée par son centre de gravité. L'algorithme nécessite de connaître le nombre de classes au préalable et génère les classes par un processus itératif en minimisant une fonction objective. Ainsi, il permet d'obtenir une partition floue de l'image en donnant à chaque pixel un degré d'appartenance à une région donnée. La FCM est plus prioritaire que les méthodes de classifications dures car elle permet d'enlever plus d'information de l'image dans la segmentation.

L'algorithme utilise l'ensemble des pixels

$$A = \{x_1, x_2, \ldots, x_n\} \quad (13)$$

Ou x_i est un vecteur de trois composantes (RVB par exemple), et c le nombre de régions.

Les valeurs des degrés d'appartenance sont regroupées dans une matrice.

$$U = [u_{ik}] \text{ pour : } 1 \leq i \leq n \text{ et } 1 \leq k \leq c \quad (14)$$

Où u_{ik} désigne le degré d'appartenance du pixel *i* à la classe *k*.

Pour avoir une bonne partition, on impose aux éléments de *U* les contraintes suivantes :

$$\begin{cases} u_{ik} \in [0,1] \ ; \\ \sum_k u_{ik} = 1; \quad \text{ceci } \forall \text{ i} \end{cases} \quad (15)$$

Cela signifie que pour chaque pixel i, la somme des degrés d'appartenance à toutes les classes k doit être égale à 1, où K est le nombre total de classes.

L'algorithme du FCM fait évoluer la partition (Matrice *U*) en minimisant la fonction objective suivante :

$$J_m (U, C) = \sum_i \sum_k (u_{ik})^m . ||x_i - c_k||^2 \quad (16)$$

Où : *i varie de 1 à N, le nombre total de pixels dans l'image ; k varie de 1 à K, le nombre de clusters ; m* >1 est un paramètre contrôlant le degré de flou (généralement *m* =2) ; c_k : le centre de la classe *k*.

a) L'Algorithme FCM

1. Choisir le nombre de classe : c
2. Initialise la matrice de partition U, ainsi que les centres c_k (initialisation aléatoire de U) ;
3. Faire évoluer la matrice de partition U et les centres c_k suivant les deux équations :
   a. Mise à jour des degrés d'appartenances, Ou $d_{ij} = ||x_i - c_j||$:
      i. $U_{ik} = 1 / (\sum_{j=1}^{c} (d_{ik}/d_{ij})^{(\frac{2}{m-1})})$ (17)
   b. Mise à jour des centres :
      i. $C_k = (\sum_i ((u_{ik})^m . x_i) / (\sum_i (u_{ik})^m)$ (18)
4. Test d'arrêt : $|U^{(t+1)} - U^{(t)}| <$ seuil. (exemple de seuil=0.1) (19)

Algorithme 2 : Fuzzy C-Means

b) Limites de la FCM

L'algorithme FCM est largement utilisé pour la segmentation des images médicales, en partie grâce à sa simplicité de compréhension et d'implémentation, notamment pour des ensembles de données de grande taille. D'autre part, son attrait réside dans son caractère flou, impliquant l'intégration du degré d'appartenance, ce qui le rend adapté à la représentation de nuances subtiles dans les données, ce sont les points forts qui lui ont donné plus d'attention surtout pour les images dermoscopiques. Néanmoins cet algorithme ne prend pas en compte la disposition spatiale des pixels, et ne considèrent que le vecteur caractéristique utilisé, en négligeant ainsi les propriétés du voisinage du pixel considéré, ce qui la rend plus sensible au bruit et aux inhomogénéités d'intensité des pixels de l'image.

c) Extensions de la FCM

Pour pallier les limites de la FCM plusieurs modifications ont été apporté à cette dernière afin d'améliorer la qualité de la classification des pixels et par conséquent, les résultats de la segmentation. Une des extensions améliorées de la FCM est l'algorithme FCM_S proposée par Ahmed et al. En (2002) [73] , c'est un algorithme du FCM avec un contraint spatial. Cet algorithme est plus robuste au bruit mais à un désavantage en temps de calcul des voisins d'un pixel à chaque étape. Autre amélioration proposée de la FCM, est de modifier la fonction objective en prenant en compte les informations locales de l'image initiale dans l'algorithme de segmentation. FCM_S1 et FCM_S2 sont développées par Zhang and Chen en 2003 [74], ces méthodes ont été proposées pour diminuer l'inconvénient de la méthode FCM_S qui calcule le terme de voisinage dans chaque itération, et par conséquent elle prend plus de temps de calcule. Ces deux algorithmes utilisent le filtre moyenneur et le filtre médiane respectivement, qui peuvent être calculés à l'avance, pour remplacer le terme de voisinage dans la version FCM_S. Ainsi les temps d'exécution tant de FCM_S1 que de la FCM_S2 sont considérablement réduits. Dans [75] en 2004, les auteurs ont pensé à remplacer la distance euclidienne par la distance du noyau. C'est l'objectif de l'algorithme kernel-FCM ou l'algorithme KFCM, or cette dernière ne considère pas la dépendance spatiale entres les pixels de l'image, ce qui le rend très sensible au bruit. La méthode KFCM_S a été proposé par Zhang et Chen (2004) [76] pour la segmentation d'image médicale, elle se base sur l'ajout d'un terme de peine spatial à la méthode KFCM fondamental. Les restrictions de l'algorithme KFCM_S

sont, d'une part, qu'il calcule le terme de voisinage successivement dans chaque itération dans le processus de la classification, qui nécessite plus de temps pour converger l'algorithme. D'autre part la modification des centres rend les résultats, de la classification, non adéquats pour certaine base de données affectée par un bruit lourd. Une récente amélioration est l'algorithme FCM, c'est la HisFCM [77]: l'idée de base est d'utiliser l'histogramme de l'image pour extraire le nombre de peaks puis le nombre de classes et les intervalles afin d'améliorer la segmentation.

d) **Le KFCM**

Comme nous avons déjà mentionné l'algorithme KFCM est une extension améliorée de l'algorithme FCM proposé par Chen and Zhang, en 2004 [75] qui consiste à remplacer la distance euclidienne par la distance du noyau. L'algorithme KFCM ne considère pas la dépendance spatiale entre les pixels de l'image, ce qui la rend sensible au bruit, mais la combinaison de cette dernière avec la décomposition Objet-texture a donné de bons résultats dans nos implémentations.

III.3 **Décomposition variationnelle des images**

La décomposition de l'image en plusieurs composantes est une opération très utile en tout processus d'analyse d'image, elle a donné des solutions dans plusieurs domaines de recherche actifs, en vision par ordinateur, comme par exemple, le tatouage d'images, l'analyse de la texture, la restauration et la segmentation.

Généralement, elle est difficile d'analyser le contenu de l'information d'une image directement à partir de l'intensité des niveaux de gris des pixels de l'image, puisque le signal bidimensionnel d'une image réelle est souvent non-stationnaire et non-linéaire. En effet, les variations locales d'un tel signal sont plus importantes, et sont liées intrinsèquement aux conditions d'éclairage et aussi à la présence ou à l'absence du bruit.

Plusieurs modèles de décomposition d'image ont été proposés dans la littérature, dont la Décomposition Objet-Texture de Vese-Osher, la décomposition en ondelettes, la décomposition par réduction de bruit, et la décomposition basée sur les contours. Chaque modèle a des avantages spécifiques pour analyser différentes caractéristiques de l'image.

Une approche classique a été proposée dans la littérature [78], ayant pour principe de considérer qu'une image **f** se décompose sous la forme **u+v**, l'objectif est la séparation de l'image en deux composantes u et v de telle sorte que, la première composante *u* est bien structurée *et* possède l'information géométrique de l'image : elle modélise les objets présents dans l'image. La deuxième composante, v, contient l'information oscillante à la fois les textures et le bruit. Dans notre travail on s'intéresse au modèle Vese_Osher [79], qui vient pour résoudre le problème de la décomposition de Meyer [78].

a) L'algorithme de Vese_Osher

Cet algorithme est basé sur le modèle de décomposition suivant :

$$F^{OV}_{\lambda,\mu,p}(u,g) = J(u) + \lambda\left\|f-(u+\operatorname{div}(g))\right\|^2_{L^2} + \mu\left\|\sqrt{g_1^2+g_2^2}\right\|_{L^p} \qquad (20)$$

L'idée de base de ce modèle est l'utilisation de la propriété classique :

$$\forall f \in L^\infty(\Omega), \|f\|_{L^\infty} = \lim_{p\to\infty} \|f\|_{L^p} \qquad (21)$$

Le terme additionnel $\|f-(u+\operatorname{div}(g))\|^2_{L^2}$ est pour s'assurer du contrainte f = u + v

Tel que f est l'image originale ; u est la composante qui présente les objets de l'image et v contient la composante texture et bruits.

Ce modèle a pour objectif de trouver la composante $u \in VB(\Omega)$ et la composante g

$g = (g_1, g_2) \in L^\infty \times L^\infty$ tel que $v = \operatorname{div}(g)$. (22)

Dans la validation numérique [34] , les auteurs ont testé le modèle pour différentes valeurs de p avec $1 \leq p \leq 10$, les résultats obtenus étaient très similaires.

Le cas ou p=1, les calculs étaient rapide par itération.

Donc on montre ici la forme de l'équation d'Euler-Lagrange pour (p=1) :

$$u = f - \partial_x g_1 - \partial_y g_2 + \frac{1}{\lambda} div(\frac{\nabla u}{|\nabla u|}) \quad (23)$$

$$\mu(\left\|\sqrt{g_1^2 + g_2^2}\right\|_{L^P})^{1-P} + (\sqrt{g_1^2 + g_2^2})^{P-2} g_1 = 2\lambda\left[\frac{\partial}{\partial x}(u - f) + \partial_{xx}^2 g_1 + \partial_{xy}^2 g_2\right]; \quad (24)$$

$$\mu(\left\|\sqrt{g_1^2 + g_2^2}\right\|_{L^p})^{1-p} + (\sqrt{g_1^2 + g_2^2})^{p-2} g_2 = 2\lambda\left[\frac{\partial}{\partial y}(u - f) + \partial_{xy}^2 g_1 + \partial_{yy}^2 g_2\right]; \quad (25)$$

La figure III. 1 illustre un exemple de décomposition par l'algorithme d'Osher-Vese appliqué sur l'image Barbara en utilisant les paramètres ($\mu = 0.1, \lambda = 0.001$).



Figure III. 1: Décomposition par l'algorithme d'Osher-Vese : l'image gauche représente la composante **u**, celle de droite, la composante **v**.

b) La décomposition variationnelle en objet et texture des images couleurs

La couleur est une dimension importante de la perception visuelle humaine qui permet la discrimination et la reconnaissance d'information visuelle. De ce fait, les primitives couleurs sont jugées fiables pour plusieurs domaines comme l'indexation et la recherche d'images couleur dans les bases d'images. Cependant, dans la majorité des modèles variationnels la couleur n'est pas exploitée. Ils se limitent à l'information en niveau de gris afin de décomposer les images.

En général, le signal couleur peut être décomposé en trois composantes (figure III.2), Il est alors possible de considérer l'image en couleur comme la superposition d'images en niveaux de

gris. Par conséquent, il est possible d'exploiter pour chacun d'eux les approches existantes en niveaux de gris.

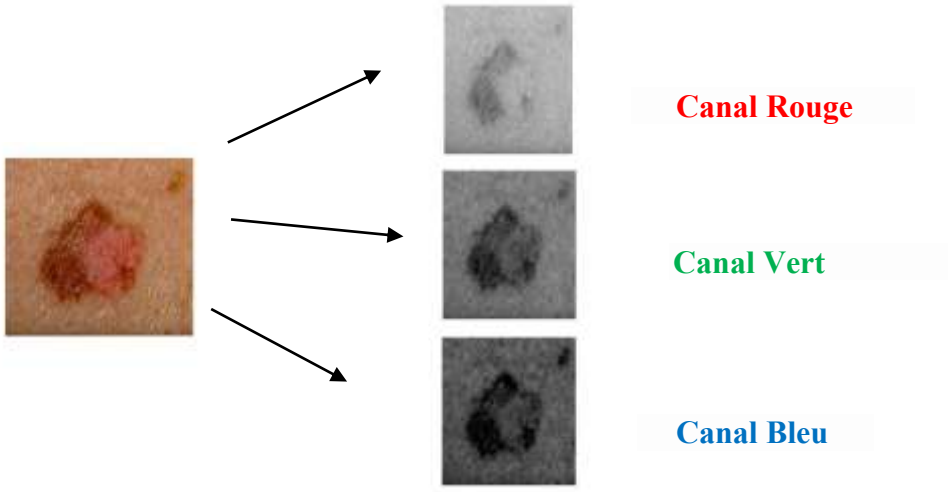


Figure III. 2: Image couleur est la superposition de trois images en niveaux de gris.

Dans une image en niveaux de gris, chaque point est représenté par une valeur de luminosité, de 0 (noir) à 255 (blanc), les valeurs intermédiaires représentent les différents niveaux de gris. La propriété de base d'une image couleur RVB (Rouge, Vert, Bleu) indique que chaque point de l'image est représenté par un niveau de rouge, un niveau de vert et un niveau de bleu. Chaque canal de couleur possède 256 niveaux d'intensité.

Toute couleur peut être représentée par une combinaison linéaire de trois couleurs primaires (R, V, B). L'espace construit par les valeurs R, V et B décrit complètement les couleurs visibles, qui sont représentées comme des vecteurs dans l'espace couleur 3D RVB. de ce fait, l'espace couleur RVB constitue un bon point de départ pour la représentation des primitives couleurs d'images.

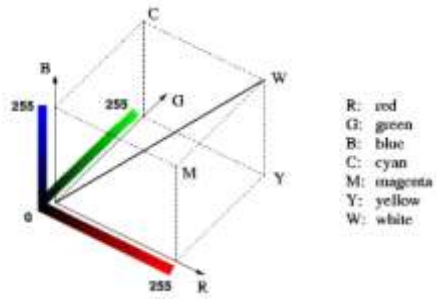


Figure III. 3: L'espace couleur RVB.

La Figure III. 3 illustre l'espace couleur RVB, qui montre une progression additive du noir vers blanc. La combinaison du Rouge et du Vert donne le Jaune, le Vert plus le Bleu donne le Cyan, et le Bleu plus le Rouge donne le Magenta. Les niveaux de gris s'allongent sur la diagonale du cube. Cyan, Yellow et Magenta sont des couleurs primaires soustractives utilisées pour l'impression, qui se soustraient du Blanc, il reste les couleurs Rouge, Bleu et Vert, respectivement.

Puisqu'une image en couleur est une superposition d'images en niveaux de gris (canal rouge, canal vert, canal bleu) (Figure III. 2). Alors, il est possible d'exploiter pour chacune d'elles les approches existantes en niveaux de gris. Dans notre première contribution en matière de segmentation, nous proposons une nouvelle méthode de décomposition permettant de décomposer une image couleur. L'idée principale de cette méthode est d'exploiter pour chaque canal de l'image couleur les différents modèles variationnels existants en niveaux de gris. Une explication détaillée de la méthode est fournie dans le chapitre quatre.

III.4 **L'optimisation par colonie des fourmis (ACO)**

Les algorithmes de colonie de fourmis sont des outils informatiques et d'optimisation qui permettent de proposer des solutions à des problèmes complexes d'optimisation, ou des problèmes coûteux en temps d'exécution. Ils sont inspirés du comportement naturel des fourmis réelles. Il a été proposé, pour la première fois, par Marco Dorigo en 1992 [80] , afin de résoudre certains problèmes d'optimisation. L'algorithme ACO fondamental est appelé le système de fourmi, AS (Ant System), a été proposé par Dorigo et al. dans [81] .

Ce genre d'algorithme est inspiré d'observations biologiques du comportement des fourmis. On s'intéresse en particulier à leur faculté à trouver le chemin le plus court de leur nid à une source de nourriture, et à converger vers ce point d'intérêt.

Lorsque les fourmis cherchent de la nourriture, elles vont tout d'abord explorer les environs de façon plus ou moins aléatoire jusqu'à trouver une source de nourriture acceptable qui est assez nutritive et de bonne qualité. Une fois que la nourriture a été jugée comme bonne, elle doit être ramenée au nid. Dans leurs parcours, les fourmis vont déposer sur le chemin des phéromones qui vont permettre de guider les autres fourmis dans leurs missions. Cette trace phéromonale permet d'orienter les fourmis vers la source de nourriture à partir du nid. Elle peut être en fonction de la qualité de la nourriture, ou de sa quantité [82] .

De plus, les phéromones déposées sur le chemin de retour vont encore renforcer la trace phéromonale. Plus le chemin est court, plus les fourmis peuvent renforcer la trace phéromonale du chemin. En effet, comme les fourmis peuvent "sentir" les phéromones, elles auront une probabilité plus grande de choisir les chemins étant très concentrés en phéromones (donc le chemin où a priori le plus de fourmis sont déjà passées).

Cependant, les phéromones ne restent pas éternellement là où elles ont été déposées : elles s'évaporent. La notion d'évaporation se produit au court du temps, et va réduire l'intensité de la trace phéromonale, et par conséquent rendre le chemin proposé de moins en moins intéressant. Si le chemin est long, le temps de trajet l'est aussi, le chemin long sera plus sujet à l'évaporation par opposition à un chemin plus court. Ce qui va favoriser le chemin court et efficace après un certain temps.

Voici une illustration (figure III. 4) des comportements des fourmis envers des chemins possibles du nid (nest) vers la nourriture (Food) [83] .

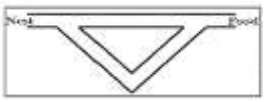
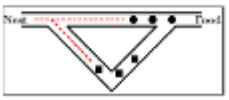
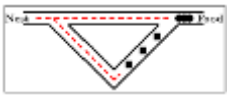
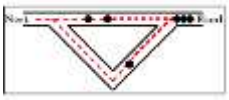
 L'état initial est tel que toutes les fourmis se trouvent dans le nid et qu'il n'y a pas de phéromones sur les chemins.	 Les fourmis commencent à explorer : dans cette étape, chaque chemin a 50 % de chances d'être sélectionné par la fourmi. Ainsi, 50 % des fourmis vont choisir le chemin le plus court (représentées par des ronds) et les 50 % restantes vont opter pour le chemin le plus long (représentées par des carrés). Chaque fourmi dépose des phéromones sur son chemin (les phéromones sont représentées en rouge).
 On voit ici que les fourmis ayant emprunté le chemin le plus court sont arrivées en premier à la source de la nourriture, donc après être retournées dans le nid, la probabilité de reprendre ce même chemin va augmenter.	 La trace phéromonale du chemin le plus court va être renforcée par les fourmis sur le chemin du retour (il y aura donc plus de phéromones sur ce chemin -phénomène représenté en traits gras-), ce qui augmente la probabilité de prendre ce chemin. de plus, les phéromones qui s'évaporent sur le chemin le plus long vont, à terme, mener toutes les fourmis à emprunter le chemin le plus court.

Figure III. 4: Choix du chemin le plus court par les colonies de fourmis entre le nid et une source de nourriture unique

Les premières applications de l'optimisation par les colonies de fourmis AS (Ant System) ont été proposées pour résoudre le problème du voyageur du commerce.

L'objectif était dans cette application de trouver le chemin le plus court pour un ensemble de villes données [13].

Différentes améliorations ont été apparues à cette version de l'algorithme AS concernant la règle de transition d'un état à un autre, et la mise à jour de la trace : celle-ci peut en effet être effectuée de manière globale, par toutes les fourmis, ou bien localement, par la seule fourmi qui a obtenu le meilleur résultat. La combinaison avec d'autres méthodes de recherche locales pour améliorer la solution trouvée a également été envisagée.

L'algorithme AS a été alors généralisé à une famille plus large d'algorithmes telle que Ant-Q[84] , Max-Min Ant System MMAS[85] , AS-Rank [86] , Ant Colony System ACS [87] .

Les algorithmes à base de méta-heuristique « optimisation par colonies de fourmis » a été appliquer pour la résolution de différents problèmes tels que l'Assignement Quadratique, HAS-QAP[88] , AS-QAP[89], FANT-QAP[90], le routage et pour le ramassage d'objets[91].

Pour la segmentation des images, l'ACO a pour but de construire une partition optimale de l'image afin de détecter les zones d'intérêt. Dans notre travail, l'objectif est de classer les pixels de l'image à l'aide de l'ACO pour détecter les bords de la lésion dans l'image dermoscopique. Dans notre deuxième contribution en matière de segmentation, nous avons intégré l'utilisation de colonies de fourmis. La procédure détaillée de cette méthode est présentée dans le chapitre quatre.

III.5 Classification Ensembliste (ELM : Ensemble Learning Machine)

III.5.1 Principe général

L'idée de base de l'apprentissage ensembliste vient du fait que, Dans les situations impliquant une décision cruciale, il est généralement recommandé de solliciter plusieurs points de vue plutôt que de se limiter à un seul. De là, L'apprentissage ensembliste, ou en ensemble, est une technique qui consiste à fusionner plusieurs classificateurs de la machine Learning, afin d'améliorer les performances du modèle d'apprentissage. Cette approche vise à atteindre un niveau de précision supérieur à ce qui serait possible en utilisant un seul de ces algorithmes de classification de manière isolée [92] [93].

La figure III.5 illustre le principe de l'apprentissage ensembliste.

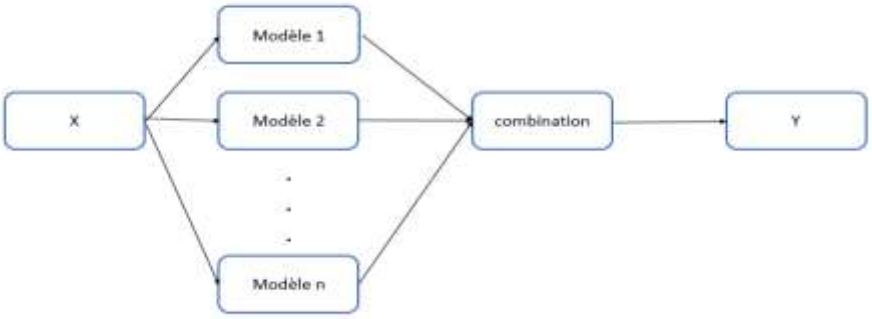


Figure III.5: l'architecture commune pour l'approche ensembliste.

Parmi les techniques d'ensemble les plus couramment utilisées, on trouve le bagging, le boosting, le stacking et le vote.

III.5.2 Le bagging

Le bagging, ou "Bootstrap Aggregating", est une technique d'ensemble qui vise à améliorer la stabilité et la précision des algorithmes d'apprentissage automatique. Il fonctionne en divisant les données d'apprentissage en échantillons, puis en utilisant un algorithme différent pour chaque échantillon, créant ainsi une diversité de modèles. Cette méthode utilise le "Bootstrapping", une technique de ré-échantillonnage avec remplacement, pour générer ces ensembles différents. Chaque ensemble, appelé "échantillon d'amorçage", est utilisé pour entraîner un classifieur du même type. Ensuite, les classificateurs individuels contribuent à la prédiction finale par un simple vote à la majorité. Ainsi, le bagging permet de réduire la variance et le sur-ajustement, aboutissant à des prédictions plus stables et précises. Cette approche intuitive et efficace est conçue pour renforcer la performance des modèles d'apprentissage automatique en capitalisant sur la diversité des algorithmes[94].

Principe du bagging en schéma est présenté dans la figure III.6.

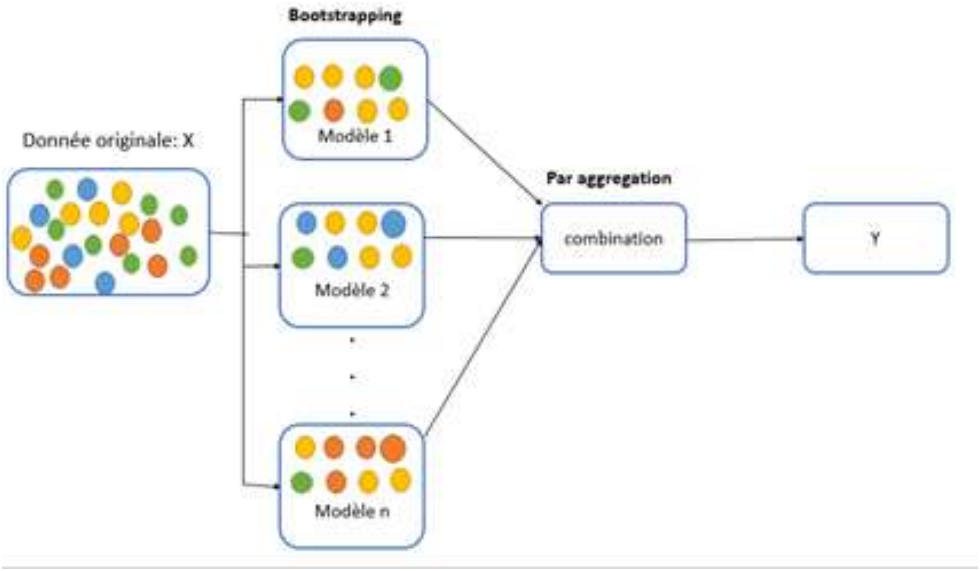


Figure III.6: Architecture de l'approche Bagging

III.5.3 Le Boosting

Le Boosting est une approche itérative qui se concentre sur l'amélioration de la performance des modèles prédictifs en combinant plusieurs modèles d'apprentissage faibles pour créer un modèle fort, en mettant l'accent sur les erreurs commises par les modèles précédents. Les modèles faibles sont successivement pondérés en fonction de leurs erreurs, ce qui donne naissance à un modèle fort capable de capturer des relations complexes dans les données. Cette approche est principalement utilisée pour résoudre des problèmes de classification, bien que des variantes existent pour la régression. La figure III. 7 décrit le principe de boosting.



Figure III. 7: Architecture de l'approche Boosting

L'un des algorithmes de boosting les plus célèbres est AdaBoost (Adaptive Boosting), introduit par Freund et Schapire en 1996 [95]. Le processus de boosting se déroule en plusieurs étapes :

- Entraînement de modèles faibles : Le boosting commence par l'entraînement d'un modèle faible (ou classifieur faible) sur l'ensemble de données d'entraînement. Un modèle faible est un classificateur qui est légèrement meilleur que le hasard, mais qui n'atteint pas une grande précision.
- Attribution de poids aux données : Après l'obtention des prédictions du modèle faible, le boosting attribue des poids aux exemples d'entraînement en fonction des erreurs de prédiction. Les exemples mal classés reçoivent des poids plus importants, tandis que les exemples correctement classés reçoivent des poids moins importants.
- Entraînement itératif : Le boosting itère en entraînant un nouveau modèle faible à chaque étape en utilisant les poids attribués aux exemples d'entraînement. Ce processus est répété plusieurs fois, avec des modèles faibles différents à chaque itération. Chaque modèle faible est adapté pour corriger les erreurs du modèle précédent.
- Combinaison des modèles faibles : Une fois que tous les modèles faibles ont été entraînés, le boosting combine leurs prédictions pour obtenir une prédiction globale. Les poids de chaque modèle faible sont pris en compte lors de cette combinaison, de manière à accorder plus d'importance aux modèles qui ont mieux performé sur les exemples difficiles.

- Obtention du modèle fort : Le modèle résultant de cette combinaison est considéré comme un modèle fort, car il est capable de bien généraliser et d'obtenir de meilleures performances que les modèles faibles individuellement.

Le boosting peut être mis en œuvre avec divers algorithmes, notamment Gradient Boosting [96] , XGBoost [97], LightGBM [98], et CatBoost [99]. Ces techniques sont largement utilisées dans la résolution de problèmes de classification, de régression et d'autres tâches d'apprentissage automatique, car elles améliorent considérablement la performance des modèles prédictifs en tirant parti de la diversité des modèles faibles.

III.5.4 Le stacking

Le stacking, ou empilement, est une technique avancée en apprentissage automatique (machine Learning) qui consiste à combiner les prédictions de plusieurs modèles d'apprentissage pour obtenir une prédiction globale plus précise. Il repose sur le principe d'utiliser un modèle de niveau supérieur pour agréger les prédictions de modèles de niveau inférieur. L'idée derrière le stacking est de capitaliser sur la diversité des modèles de niveau inférieur afin d'améliorer la généralisation et de réduire le risque de sur-ajustement. (Voir figure III. 8).

L'approche du stacking a été introduite pour la première fois par Wolpert en 1992 [100]. Depuis lors, de nombreuses variantes et extensions ont été développées. L'une des approches les plus courantes consiste à utiliser des modèles de base hétérogènes, tels que des arbres de décision, des réseaux de neurones, et des méthodes de régression. Ces modèles sont formés indépendamment sur les mêmes données d'entraînement. Le modèle de niveau supérieur, souvent appelé "méta-learner," prend les prédictions des modèles de niveau inférieur comme entrée et génère une prédiction globale. Les poids attribués à chaque modèle de niveau inférieur ou les fonctions de décision du méta-learner peuvent être optimisés lors de l'apprentissage.

Le stacking a trouvé une application dans divers domaines, y compris la classification, la régression, et la prédiction de séries temporelles. Il a démontré son efficacité pour améliorer la précision des modèles prédictifs, en particulier lorsque des modèles de base différents sont utilisés. Un schéma représentant le principe de stacking est présenté comme suit :

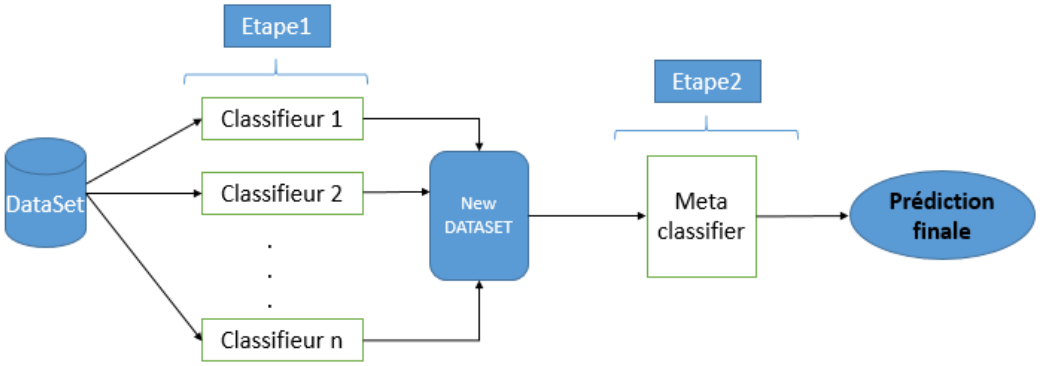


Figure III. 8: Architecture de l'approche Stacking

III.5.5 Le vote

Le vote, également connu sous le nom d'ensemble voting, est une technique d'ensemble en apprentissage automatique qui permet à plusieurs classificateurs de voter sur la classe prédite d'une nouvelle entrée, chacun ayant appris indépendamment les uns des autres. L'apprentissage en utilisant divers algorithmes est suivi de leur utilisation conjointe pour prédire la classe d'une nouvelle entrée. Le vote se décline en trois principaux types :

- **Le vote dur (Hard Voting)** : Cette approche consiste à classer la nouvelle instance en fonction de la prédiction majoritaire des classificateurs de base. C'est une technique simple, mais elle peut être moins efficace si la majorité des classificateurs de base donnent de mauvaises prédictions.
- **Le vote à majorité pondéré (Weighted Voting)** : Dans cette variante, des poids sont associés à chaque classificateur de base. Ces poids peuvent varier au fur et à mesure de l'entraînement en fonction de la qualité de leurs prédictions. Les classificateurs obtenant de meilleures prédictions peuvent recevoir des poids plus élevés, tandis que ceux obtenant des prédictions moins fiables peuvent voir leurs poids réduits.
- **Le vote doux (Soft Voting) :** Cette approche repose sur la prédiction en termes de probabilités, où la sortie finale est déterminée en fonction des probabilités prédites pour chaque classe par les classificateurs. Chaque classe est prédite par le

classificateur avec la probabilité la plus élevée. Les probabilités des étiquettes de classe attribuées par le classificateur à l'entrée sont utilisées pour établir la prédiction finale.

Ces différentes méthodes de vote offrent une flexibilité dans la manière dont les prédictions sont combinées, ce qui peut être adapté en fonction de la nature du problème et des performances des classificateurs de base. Les équations spécifiques pour chaque type de vote sont définies en fonction des probabilités prédites par les classificateurs[101].

III.5.6 Optimisation des poids par algorithme génétique

Dans notre travail, nous avons utilisé deux approches de vote, l'une par vote majoritaire et autre par le vote à majorité pondéré (Weighted Voting), les poids des classifieurs, sont déterminés à l'aide des Algorithmes Génétiques (AG), il s'agit d'une technique sophistiquée reconnue pour améliorer la puissance prédictive des classifieurs individuels dans l'ensemble. Le processus d'optimisation des poids basé sur les AG se déroule en plusieurs étapes bien définies, mettant en évidence son efficacité dans l'amélioration des performances de l'ensemble Learning.

- **Initialisation de la Population** : Le voyage des AG commence par la création d'une population d'individus, chacun encapsulant un ensemble unique de poids représentant la contribution d'un classifieur spécifique à l'ensemble.
- **Évaluation de la Forme Physique** : La forme physique de chaque individu dans la population est rigoureusement évaluée à travers une fonction objective adaptée à notre problème spécifique. Les scores de forme physique attribués à chaque individu servent de critère essentiel pour les étapes suivantes, déterminant leur aptitude à la reproduction et à la mutation.
- **Sélection** : À l'aide de règles de sélection spécifiques, la phase de sélection identifie stratégiquement les individus affichant les scores de forme physique les plus élevés. Ces individus sont choisis pour participer aux processus de reproduction et de mutation, favorisant ainsi la propagation des caractéristiques souhaitables.
- **Individus d'Élite** : À la conclusion du processus AG, les individus présentant les scores de forme physique exceptionnels sont identifiés comme les contributeurs

d'élite à la précision de l'ensemble. Ces individus d'élite exercent une influence considérable sur la décision finale de l'ensemble.

L'approche basée sur les AG se révèle exceptionnellement efficace pour déterminer les poids optimaux des classifieurs au sein de notre ensemble. En exploitant les algorithmes génétiques, nous appliquons les principes évolutifs pour affiner les contributions de chaque classifieur, ce qui élève les performances prédictives de l'ensemble à leur apogée. Cette stratégie d'optimisation est soutenue par le travail de Yu et al.[102], offrant des bases théoriques solides et une validation empirique. Cette approche robuste garantit que l'ensemble exploite de manière optimale l'expertise des classifieurs individuels, renforçant ainsi sa capacité à fournir des diagnostics précis du mélanome.

Le principe de l'algorithme génétique est présenté dans la figure III. 9:

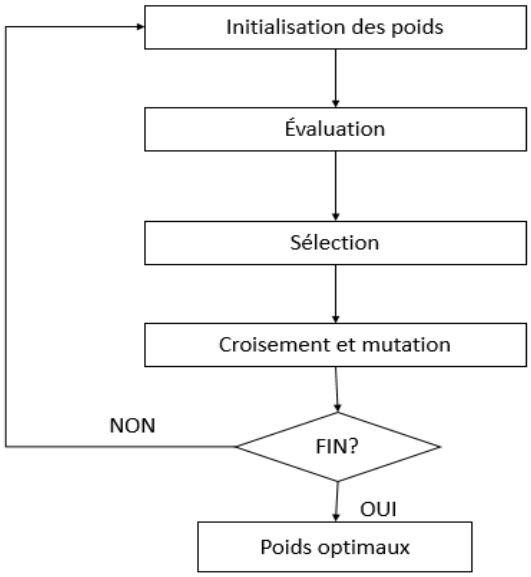


Figure III. 9: Fonctionnement d'un algorithme génétique pour la détection des poids.

En résumé, pour l'optimisation des poids, nous commençons par représenter les poids sous forme de chromosomes. Ensuite, nous évaluons la performance des classifieurs avec une fonction d'évaluation basée sur des critères tels que le taux de classification incorrecte. Nous utilisons les opérations de croisement et de mutation pour créer de nouveaux individus. L'objectif est d'optimiser les poids pour améliorer la performance globale.

III.6 **Conclusion**

Dans ce chapitre, nous avons exposé la méthodologie de notre travail de recherche en mettant en lumière les outils de segmentation et de classification utilisés dans nos contributions, à savoir la segmentation par classification floue, la segmentation basée sur l'optimisation par colonies de fourmis, et la classification ensembliste. Ces approches, soigneusement sélectionnées, constituent la base de nos avancées dans le domaine de l'analyse d'images dermoscopiques. La section suivante de ce rapport sera dédiée à la présentation détaillée de nos propositions, ainsi qu'à leur mise en œuvre concrète. En abordant les résultats de notre travail, nous visons à démontrer la pertinence et l'efficacité de nos méthodologies dans le contexte de la détection et du diagnostic précis du mélanome cutané.

Partie II : CONTRIBUTIONS À LA SEGMENTATION et À LA CLASSIFICATION DES LÉSIONS CUTANÉES

Chapitre IV. Segmentation par décomposition Multi-échelle et Optimisation par Colonies de Fourmis

IV.1 Introduction

La segmentation joue un rôle pivot dans un système d'aide au diagnostic du mélanome. Elle est chargée de délimiter avec précision la lésion dans l'image dermoscopique. Cette étape exerce une influence directe sur le diagnostic final du CAD, soulignant ainsi son rôle essentiel dans le processus global. Dans ce chapitre, nous nous penchons sur deux contributions distinctes pour la segmentation d'images dermoscopiques. La première contribution repose sur une décomposition multi-échelle, visant à décomposer l'image en objet et texture et la classification des pixels. La seconde contribution explore l'utilisation de l'optimisation par les colonies de fourmis pour la détection de la lésion dans l'image dermoscopique. Chacune de ces approches offre une perspective unique, apportant sa propre valeur à notre démarche globale. Dans la première partie de ce chapitre, nous décrivons notre démarche pour la segmentation des images dérmoscopiques, basée sur la décomposition multi-échelle et la classification des pixels, Nous exposons les paramètres utilisés ainsi que les résultats obtenus. Dans la deuxième partie, nous présentons notre stratégie pour la segmentation en utilisant l'optimisation par les colonies de fourmis, illustrant les paramètres utilisés et les résultats obtenus.

IV.2 Segmentation par décomposition multi échelle

IV.2.1 Approche proposée

Dans le cadre de cette thèse, notre attention s'est principalement portée sur la segmentation par classification floue. Cependant, les résultats fournis par l'algorithme FCM ainsi que ses extensions améliorées ne sont pas satisfaisantes pour la détection précise de la lésion, comme mentionné dans le chapitre III. Pour remédier à cela, nous avons envisagé un prétraitement de l'image avant la segmentation, reposant sur une méthode de décomposition multi-échelle de l'image dermoscopique. Cette approche prend en compte l'information couleur de l'image dans le but d'améliorer la qualité de la segmentation. Notre première approche pour la segmentation des images dermatoscopiques comporte deux phases principales : La première phase consiste en une

décomposition basée sur les équations aux dérivées partielles en utilisant le modèle d'Osher-Vese. L'objectif de cette étape est de séparer l'image I(m, n) en deux composantes : Objet et Texture. La composante Objet contient l'information géométrique, c'est la composante de l'image qui nous intéresse dans cette partie et qui servira d'entrée pour la deuxième phase de l'approche. La deuxième composante est la texture de l'image.

La 2ème phase consiste à segmenter l'image, résultat de la phase de décomposition, par la méthode de classification KFCM.

Les paramètres utilisés dans la phase de la classification pour la segmentation sont :

- n =100 le nombre des itérations.
- C=2 le nombre de classes.
- Seuil = 0.001 pour minimiser la fonction objective.
- m=2 l'ordre de fuzzification.

L'image résultat de cette phase a subi à un post-traitement par morphologie mathématique, la figure IV. 1 montre l'approche proposée pour la décomposition couleur de l'image.

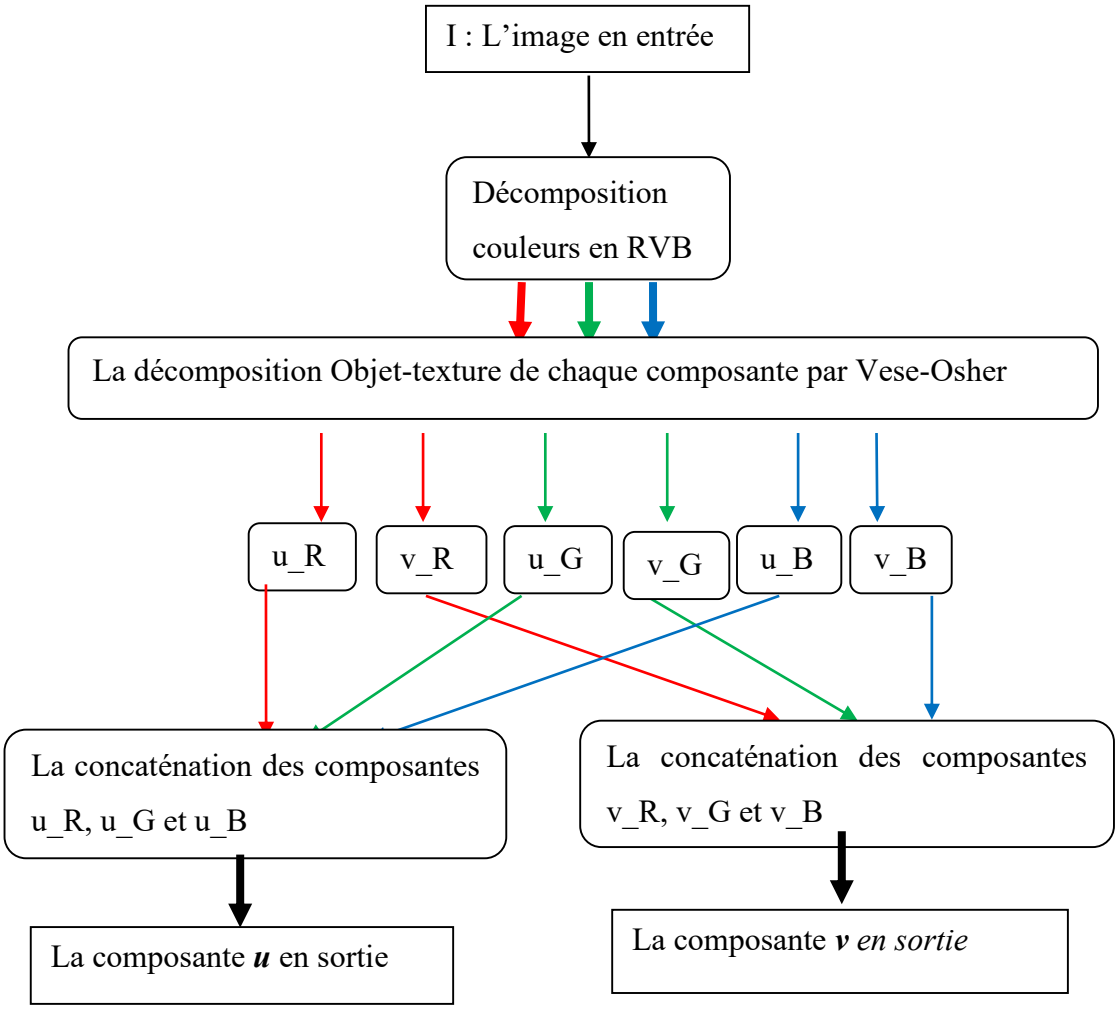


Figure IV.1: Diagramme de la décomposition couleur proposée

Où u_R, v_R, u_G, v_G, u_B et v_B représentent respectivement la composante structure rouge, la composante texture rouge, la composante structure verte, la composante texture verte, la composante structure bleue et la composante texture bleue.

La composante structure couleur d'une image couleur est calculée à partir d'une concaténation des composantes u_R, u_G et u_B. La composante texture d'une image couleur est calculée par une concaténation des composantes v_R, v_G et v_B.

La figure IV. 2 illustre l'approche proposée pour la segmentation à base de la décomposition multi échelle.

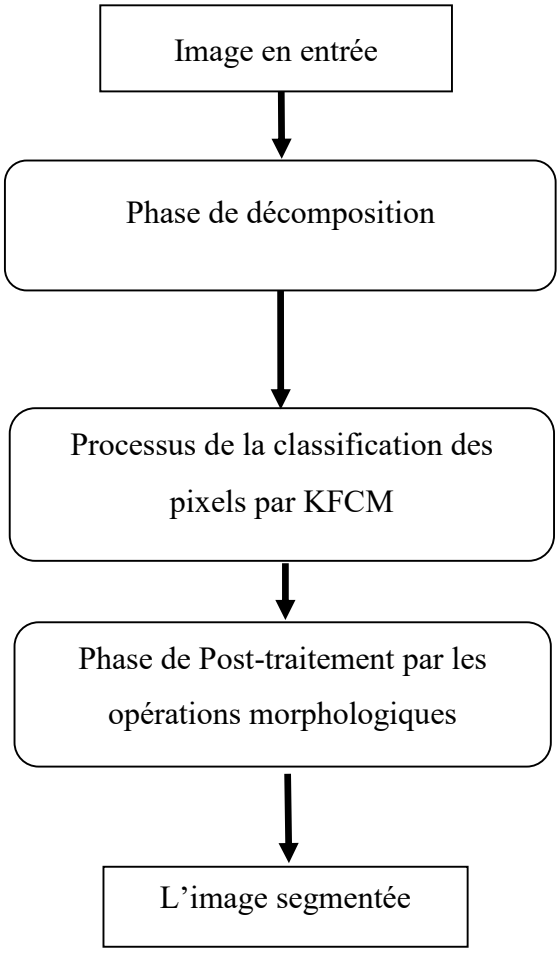


Figure IV.2: Diagramme de la première approche proposée pour la segmentation des images dermatologiques.

IV.2.2 Résultats expérimentaux

Dans le but de valider notre méthode de segmentation basée sur la décomposition Objet-Texture et la classification des pixels, cette dernière a été testée sur des images texturées issues de l'album de Brodatz [15] et des images médicales de mélanome de la base PH2 [103].

Des exemples de résultats de la décomposition d'images sont présentés dans la figure IV. 3, ainsi que les résultats de la méthode de segmentation proposée EDP+KFCM est illustrés dans les figures IV. 4 et IV. 5, pour quelques images de la base de Brodatz et de la base PH2 respectivement.

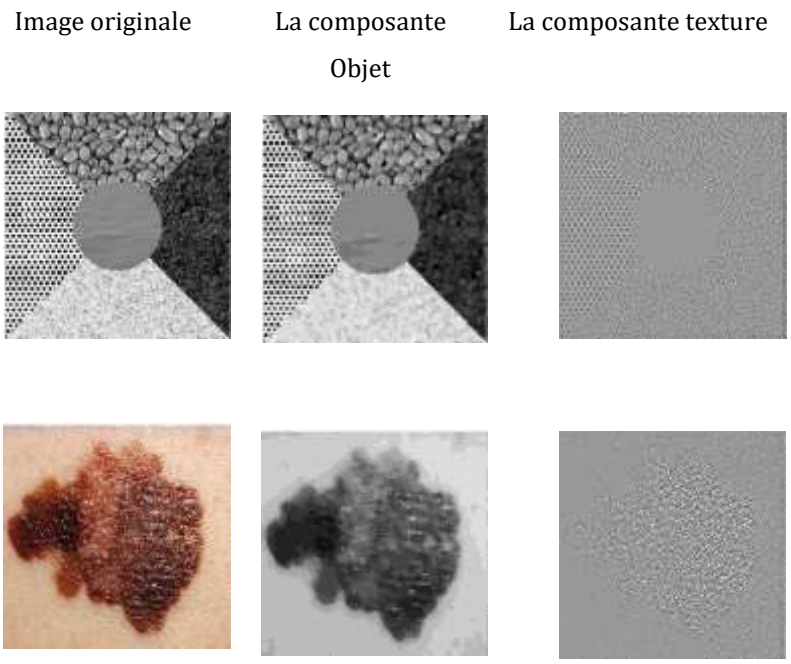


Figure IV.3: Résultats de la décomposition Objet-Texture à base de l'algorithme Osher-Vese.

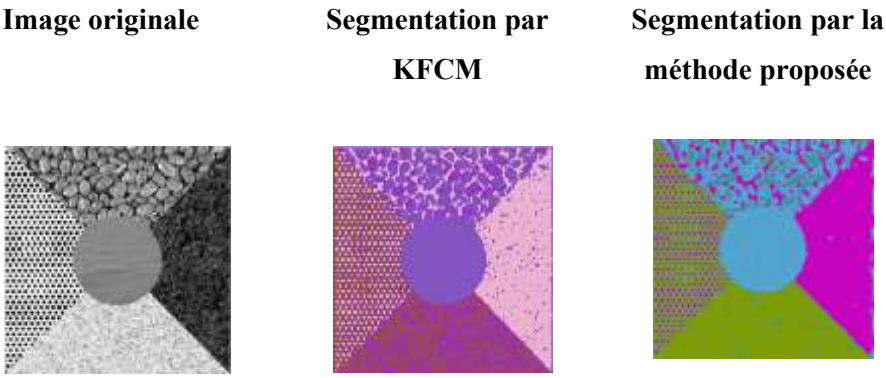


Figure IV.4: Résultats de la méthode proposée EDP+KFCM appliquée sur une image de la base de Brodatz.

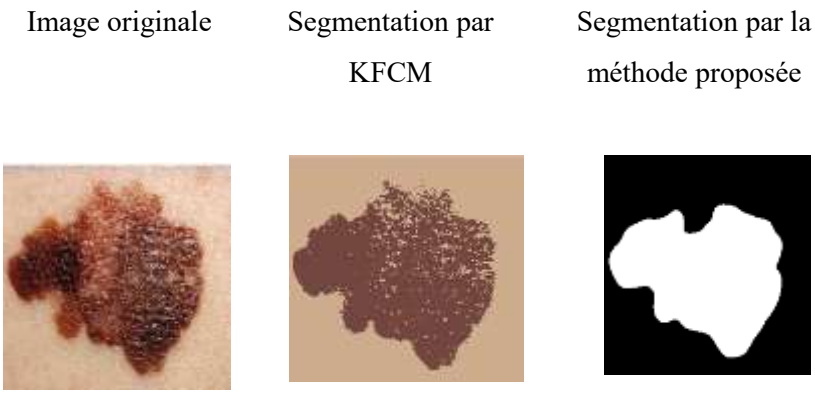


Figure IV.5: Résultats de la méthode proposée EDP+KFCM appliquée sur une image de la base de données PH2.

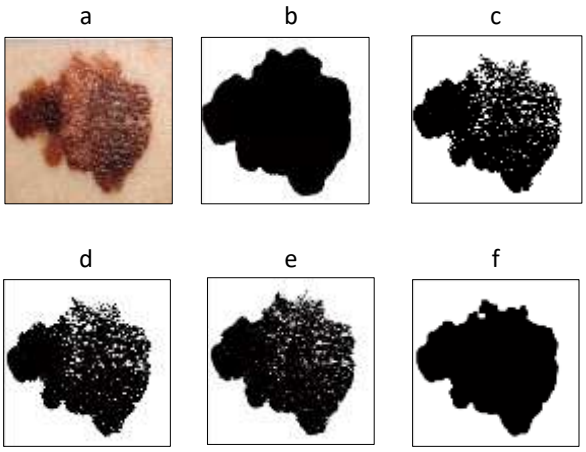


Figure IV-6 : Résultat de la détection de la lésion par l'approche proposée, (a) image originale ; (b) image de vérité terrain ; (c) image segmentée par K_Means ; (d) image segmentée par KFCM ; (e) image segmentée par la méthode WFCM ; (f) image segmentée par l'approche proposée.

IV.2.3 Évaluation des résultats

Pour évaluer notre méthode de segmentation (Figure IV-6), nous avons utilisé un outil de calcul médico-statistique, permettant l'évaluation de la performance de diagnostic d'un test médical.

Les deux critères d'évaluation utilisés à cette étape sont la sensitivité et la spécificité.

Ces deux critères sont calculés en se basant sur une image Ground Truth (GT), qui représente la vérité terrain (figure IV.7). Cette image est obtenue par la détection manuelle de la lésion par des dermatologues du service de dermatologie du Centre Hospitalier Universitaire de Fès.



Figure IV.7: Vérité terrain pour quelques images obtenues du Centre Hospitalier Universitaire Hassan II de Fès.

- La Sensibilité d'un signe pour un diagnostic est la probabilité que le signe soit présent chez les individus atteints par la maladie recherchée.
- La Spécificité d'un signe pour un diagnostic est la probabilité que le signe soit absent chez les individus non atteints par la maladie recherchée.

Dans notre contexte, le test est appliqué sur des images de la peau contenants une lésion, la sensibilité mesure la portion des pixels de lésions correctement identifiées par la méthode de segmentation utilisée, et la spécificité mesure la portion des pixels de la peau saine correctement détectés.

Pour calculer ces deux critères, on utilise les paramètres suivants :

TP : vrai positif, pixels de la lésion correctement détectés comme pixels de la lésion.

FN : faux négatif, pixels de la peau détectés comme pixels de la lésion.

TN : vrai négatif, pixels de la peau correctement détectés comme pixels de la peau.

FP : faux positif, pixels de la lésion détectés par erreur comme pixels de la peau.

Pour présenter ces deux paramètres on utilise la méthode ROC (Receiver Operating Characteristic) qui sert à évaluer la méthode de segmentation, et à partir de laquelle on calcule le paramètre AUC (Area Under the ROC Curve) [104].

Les valeurs des paramètres d'évaluation :

FP =9095

TP =145268

FN = 47275

TN = 285880

Les résultats de l'évaluation sont de 78 % de spécificité, 99 % de sensibilité et 98% de la métrique AUC (voir Tableau 2).

Tableau 2.Comparaison des résultats de la segmentation proposée avec K_Means, FCM, KFCM et WFCM en utilisant le critère AUC.

Approche	*K_Means*	*FCM*	*KFCM*	*WFCM*	*Approche proposée PDE-KFCM*
AUC	0.97	0.91	0.97	0.95	0.98

IV.3 **Segmentation par Optimisation par colonies de fourmis (ACO)**

IV.3.1 L'approche proposée

Un ensemble de fourmis se déplace sur l'image de deux dimensions pour construire une matrice des phéromones. Chaque fourmi représente les informations concernant le bord à chaque pixel de l'image. Les mouvements des fourmis sont conduits par la variation locale des valeurs d'intensité de l'image.

L'approche proposée pour cette technique de segmentation d'image par classification des pixels se réalise en quatre étapes, qui sont :

1. L'initialisation
2. La construction de la matrice des phéromones
3. La mise à jour de la matrice des phéromones
4. La prise de décision.

a) **L'initialisation**

Premièrement les K fourmis sont placées aléatoirement sur l'image I de taille M1*M2, de tel sorte que les pixels de l'image présentent les nœuds de l'algorithme ACO. On utilise une matrice constante τ_init pour initialiser la matrice des phéromones $\tau^{(0)}$.

b) **La construction de la matrice des phéromones**

À la $n^{ième}$ étape de construction, une fourmi est sélectionnée de façon aléatoire parmi les K fourmis existantes, et cette fourmi se déplace pour L fois du pixel se trouvant à la position (l, m) à son voisinage existant à la position (i, j) selon une probabilité de transition définit par :

$$p^{(n)}_{(l,m)\to(i,j)} = \frac{\left(\tau^{(n-1)}_{i,j}\right)^{\alpha} (n_{i,j})^{\beta}}{\sum_{(i,j)\in\Omega_{(l,m)}} (\tau^{(n-1)}_{i,j})^{\alpha} (n_{i,j})^{\beta}} \qquad (26)$$

Où : $\tau^{(n-1)}_{i,j}$ la valeur de phéromone du nœud (i, j)

Ω (l, m) est le voisinage du nœud (l, m)

$\eta_{i,j}$ représente une matrice qui contient l'information heuristique du nœud (i, j)

α et β sont deux constantes, représentent l'influence de la matrice du phéromone et de celle de la matrice heuristique.

Dans cette phase de construction de la matrice des phéromones, on a deux intérêts nécessaires :

Le premier intérêt, est la détermination de la matrice des informations heuristiques $\eta_{i,j}$, donné par la formule suivante:

$$\eta_{i,j} = \frac{V_c(I_{i,j})}{\sum_{i=1}^{M1}\sum_{j=1}^{M2} V_c(I_{i,j})} \qquad (27)$$

Où :

$I_{i,j}$: la valeur de l'intensité du pixel (i, j)

Vc : est la fonction d'un groupe local de pixels **c** qui représente la clique d'un pixel.

De telle sorte que :

$$V_c(I_{i,j}) = f(|I_{i-2,j-1} - I_{i+2,j+1}| + |I_{i-2,j+1} - I_{i+2,j-1}| + |I_{i-1,j-2} - I_{i+1,j+2}| + |I_{i-1,j-1} - I_{i+1,j+1}| + |I_{i-1,j} - I_{i+1,j}| + |I_{i-1,j+1} - I_{i-1,j-1}| + |I_{i-1,j+2} - I_{i-1,j-2}| + |I_{i,j-1} - I_{i,j+1}|) \qquad (28)$$

Où :

$$f(x) = \begin{cases} \sin\frac{\pi x}{\lambda} & \text{si } 0 \le x \le \lambda \\ 0 & \text{sinon;} \end{cases} \qquad (29)$$

λ : Le paramètre qui règle la forme de la fonction.

Le deuxième intérêt, c'est de déterminer la gamme permise du mouvement des fourmis (c'est-à-dire, Ω (l, m) dans (4)) à la position (l, m). Il est proposé être voisinage de 4 cohérences ou le voisinage de 8 cohérences.

c) Le processus de mise à jour de la matrice des phéromones

Ce processus de mise à jour est réalisé en deux étapes :

- La première étape de mise à jour est réalisée après le mouvement de chaque fourmi, par l'équation suivante:

$$\tau_{i,j}^{(n-1)} = \begin{cases} (1-\rho).\tau_{(i,j)}^{(n-1)} + \rho\Delta_{i,j}^{(k)}, & \text{si la position } (i,j) \text{ est visitée par la } k^{\text{ième}} \text{fourmi courante} \\ \tau_{(i,j)}^{(n-1)} & \text{sinon} \end{cases} \quad (30)$$

ρ : représente le pourcentage d'évaporation.

$\Delta_{i,j}^{(k)}$: est déterminé par la matrice des informations heuristiques;

Tel que,

$$\Delta_{i,j}^{(k)} = \eta_{i,j}. \quad (31)$$

- Deuxième étape de mise à jour, c'est après le mouvement des toutes les k fourmis, telle que la matrice de phéromone est modifiée par :

$$\tau^{(n)} = (1-\psi) \cdot \tau^{(n-1)} + \psi \cdot \tau^{(0)} \quad (32)$$

Sachant que ψ est le coefficient de décadence de phéromone.

d) **Le processus de la prise de décision**

La matrice des phéromones finale est utilisée pour classifier chaque pixel comme étant un bord ou un non. La décision est prise en appliquant un seuil sur cette matrice obtenu après la phase de mise à jour. La valeur de seuil est calculée à base de la méthode de seuillage d'Otsu décrite dans [28].

IV.3.2 Résultats expérimentaux

La segmentation par l'ACO a été testé sur des images dermatologiques obtenues du département de dermatologie du centre hospitalier universitaire Hassan II de Fès ainsi que du site web dermoscopyatlas [105]. La figure IV.8 montre quelques images dermoscopiques utilisées dans ce travail et les résultats de cette approche sont montrés dans la figure IV.9.

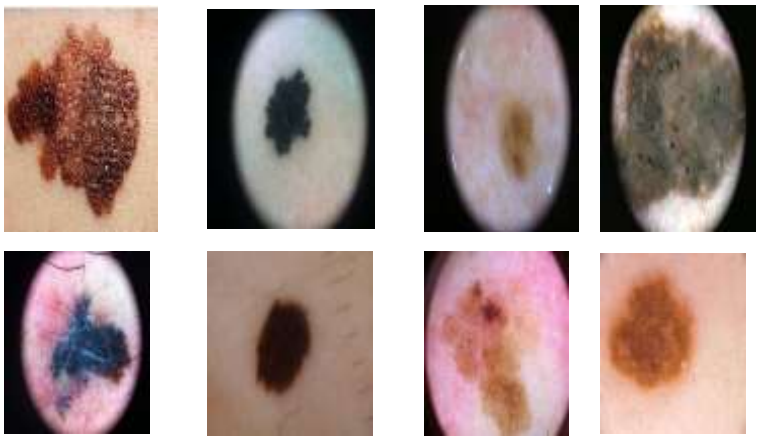


Figure IV. 8: Quelques images dermoscopiques utilisées dans ce travail.

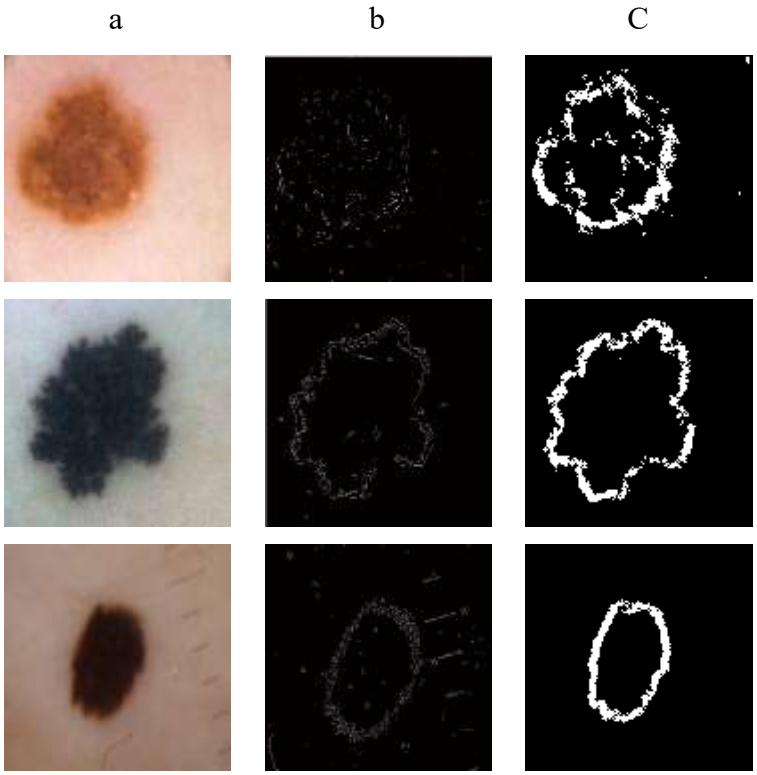


Figure IV.9: Résultats de la détection des bords par les colonies de fourmis: (a) image originale ; (b) résultats de Canny ; (c) résultat de l'approche proposée (ACO).

La figure IV.9 montre que l'algorithme proposé a accompli des résultats satisfaisants pour la détection de bord de la lésion des différentes images dermoscopiques. La comparaison avec le détecteur de Canny [24] a été réalisée d'une telle façon que les meilleurs paramètres de Canny sont choisis pour chaque image comme montrant la figure IV.10.



L'image originale	Résultat avec les paramètres de Canny: [0.2 0.8]	Résultat avec les paramètres de Canny: [0.10.4]	Résultat avec les paramètres de Canny: [0.05 0.2]

Figure IV.10: Comparaison des résultats avec Canny

Les résultats démontrent que l'algorithme proposé basé sur l'ACO est une solution efficace pour la détection des bords de la lésion dans les images dermoscopiques.

IV.4 **Conclusion**

Dans ce chapitre, nous avons présenté nos contributions concernant la segmentation, ayant pour but, la détection de la lésion dans les images dermoscopiques.

La première approche est basée sur la décomposition variationnelle des images et la classification floue. La deuxième approche est basée sur l'optimisation par les colonies de fourmis pour la segmentation des images afin de détecter les bords de la lésion dans les images dermoscopiques.

Les deux approches proposées ont été appliquées sur des images réelles de la peau, obtenues de département de dermatologie du centre Hospitalier universitaire Hassan II de Fez, et du site web Dermoscopyatlas.

Afin d'évaluer l'approche proposée, nous avons la comparer avec la méthode déterministe de Canny [24], en utilisant les paramètres de Canny correspondant aux meilleurs résultats de segmentation. Les résultats obtenus sont compétitifs, et ce travail de segmentation peut être utilisé dans un system d'aide au diagnostic du mélanome. Dans le chapitre suivant nous proposons nos contributions, pour un système d'aide au diagnostic du mélanome basé sur des algorithmes de traitement d'image et de la classification.

Chapitre V. Classification des images dermoscopiques par apprentissage automatique et ensembliste

V.1 Introduction

La classification occupe un rôle fondamental au sein d'un système d'Aide au Diagnostic Assisté par Ordinateur (CAD) dédié à la détection des lésions cutanées, notamment du mélanome. Cette étape finale consiste à attribuer une catégorie ou un diagnostic à une lésion identifiée par le système. L'importance de la classification dans un CAD réside dans sa capacité à distinguer de manière précise entre les lésions bénignes et malignes, contribuant ainsi à un processus de diagnostic plus fiable et rapide. Les algorithmes de classification, tels que ceux utilisant les SVM (Support Vector Machines) et les techniques ensemblistes, permettent au CAD d'analyser les caractéristiques extraites des images dermoscopiques pour déterminer la nature de la lésion. Dans ce chapitre, nous présentons nos contributions pour un système de reconnaissance des lésions cutanées, spécifiquement conçu pour le diagnostic du mélanome cutané. Nous examinons la mise en œuvre d'algorithmes de classification dans notre approche. D'une part, nous abordons la classification automatique en utilisant des SVM, et d'autre part, nous nous penchons sur la classification ensembliste. Nous mettons particulièrement l'accent sur l'utilisation du vote majoritaire et pondéré dans le processus de diagnostic, soulignant ainsi les différentes facettes de notre démarche. L'implémentation de ces approches offre une perspective nouvelle pour améliorer la fiabilité des diagnostics dermatologiques. Enfin, une étude comparative met en lumière les performances de nos modèles en termes de sensibilité, spécificité et précision. Cette évaluation inclut une analyse comparative avec d'autres méthodes de détection du mélanome, offrant ainsi une vue d'ensemble complète de l'efficacité de notre approche.

V.2 Classification des lésions cutanés par apprentissage automatique

La classification des lésions cutanées par apprentissage automatique représente une avancée significative en dermatologie diagnostique, permet au système de traiter d'importants ensembles de données dermatoscopiques, en extrayant des caractéristiques spécifiques des images pour distinguer entre les lésions bénignes et malignes. Les modèles, tels que les machines à vecteurs de

support (SVM), sont formés à partir de données annotées, leur permettant d'apprendre à identifier des schémas complexes et des nuances subtiles dans les images. Dans cette section, on présente notre premier modèle pour le diagnostic du mélanome à base de l'analyse d'images et d'algorithme KSVM, extension améliorée de la méthode SVM.

Le modèle CAD, proposé se déroule en quatre phases qui sont :

1. La phase de prétraitement.
2. La segmentation pour la détection de la lésion.
3. L'extraction et la sélection des caractéristiques de la lésion dans l'image dermoscopique.
4. La phase de classification et de diagnostic.

La phase de prétraitement consiste à la suppression des poils et le redimensionnement de l'image d'entrée, afin d'améliorer sa qualité et la préparer pour la deuxième phase de segmentation. La phase de segmentation consiste à appliquer la classification des pixels pour détecter la zone de la lésion dans l'image dermoscopique. La troisième phase vise à analyser la lésion détectée pour extraire ces caractéristiques en se basant sur la méthode ABCD dans un premier temps et la matrice de co-occurrence GLCM dans un second temps. La dernière phase consiste à appliquer les outils de l'apprentissage automatique, pour réaliser le diagnostic et reconnaitre la lésion dans l'image dermoscopique s'il s'agit du mélanome ou pas, autrement dit, s'il s'agit d'une lésion maligne ou bénigne. L'approche proposée est testée sur la base de données des images dermoscopiques PH^2 décrite au premier chapitre. La figure V.1, présente l'organigramme du système proposé :

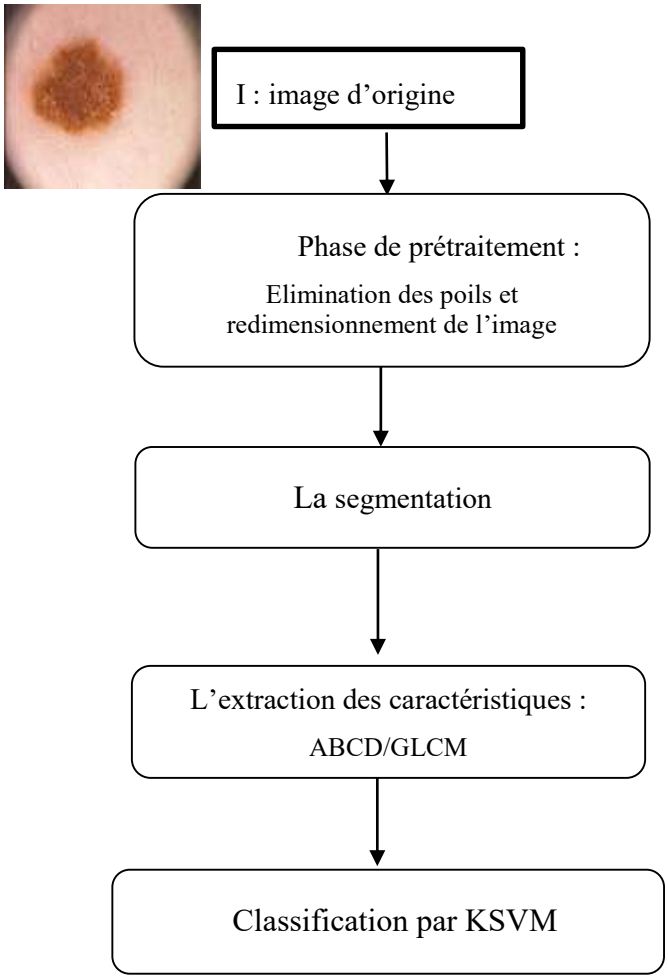


Figure V. 1: Diagramme de l'approche proposée pour la reconnaissance du mélanome

V.2.1 Prétraitement.

a) La suppression des poils

Dans la plupart des cas, les images dermoscopiques contiennent des poils. La présence de ces derniers peut avoir une influence négative sur les résultats de la segmentation, limitant ainsi le rendement des phases suivantes, notamment l'extraction des caractéristiques et la classification. La présence de poils diminue les performances du système de diagnostic, justifiant ainsi la nécessité de mettre en place un prétraitement visant à éliminer les poils pour améliorer la qualité des images. Cela permet d'optimiser leur exploitation dans les modules ultérieurs du système. Diverses

méthodes ont été proposées dans la littérature pour la suppression des poils des images dermoscopiques [106].

En générale, la suppression des poils se réalise en deux étapes :

Partie 1 : la détection des poils dans les images dermoscopiques.

Partie 2 : la reconstruction de régions supprimées par les algorithmes d'inpainting.

Dans cette partie, on présente les méthodes existantes de détection des poils dans les images dermoscopiques, ainsi que les différents algorithmes d'inpainting [106]. Dans leur travail, [107] Dullrazor de Lee et Al. (1997), ont proposé un algorithme qui se compose de trois étapes fondamentales : (1) Identification de l'emplacement des poils ; (2) remplacer les pixels des poils par les pixels voisins et (3) le lissage de résultat obtenu. Cette méthode permet la suppression des poils des images dermoscopiques à partir des opérations morphologiques. Elle consiste à appliquer sur chacun des trois canaux de l'image RVB un chapeau haut de forme (différence entre l'image originale et sa fermeture) avec des éléments structurants dans les directions verticales, horizontales et diagonales, afin de mettre en évidence les structures longues de l'image. La réponse maximale parmi les différents éléments structurants, puis parmi les trois canaux est prise comme la réponse à chaque pixel. Le masque contenant l'emplacement des poils est ensuite créé en seuillant l'image obtenue.

Kiani K. et Sharafat A.R. [108] proposent en 2011 une méthode, connue par le **E-shaver**, permettant d'enlever à la fois les poils clairs et foncés de l'image. L'orientation prédominante des poils est tout d'abord détectée à l'aide de la transformée de Radon, puis l'image est convoluée avec un filtre de Prewitt de direction prédominante. Elle est seuillée avec deux seuils différents, un fort qui ne garde que des segments de poils, que l'on reconstruit dans une image seuillée plus faiblement qui garde tous les poils et d'autres structures. Seules les structures du masque supérieures à une longueur donnée sont conservées. Puis le masque est lissé et seuillé à nouveau.

Nguyen N.H., Lee T.K., et Atkins M.S. [109] partent de la propriété que le profil d'intensité de la coupe transversale d'un poil est de nature gaussienne. Les poils sont ainsi mis en évidence en filtrant les canaux de l'image avec **un noyau gaussien** unidirectionnel dans plusieurs orientations, et en conservant la valeur absolue maximale de la réponse pour chaque pixel. L'image est ensuite

lissée et seuillée, et seules les structures supérieures à une longueur donnée sont conservées. A partir du squelette de ces structures, le masque final est obtenu en vérifiant que leur coupe transversale est bien de nature gaussienne et que leur longueur est supérieure à un seuil donné.

b) **L'Inpainting**

Lee et al. proposent dans le Dullrazor [107] une méthode d'interpolation bilinéaire pour remplacer les pixels détectés comme poils. Les pixels de poils obtenus grâce au chapeau haut de forme et au seuillage sont ainsi remplacés par interpolation bilinéaire puis le résultat est lissé avec un filtre médian adaptatif. Cette technique peut entrainer des effets de flou et ne permet pas de reproduire la texture de la lésion. Elle ne peut donc pas être utilisée lorsque les poils occultent le mélanome.

Les algorithmes de diffusion non-linéaire remplissent les régions supprimées de l'image en propageant des structures linéaires (appelées isophotes) dans la région visée par diffusion. Ils s'inspirent des équations aux dérivées partielles de l'équation de la chaleur. L'inconvénient de ces techniques est que la diffusion entraine un effet de flou.

Criminisi A., Pérez P. et Toyama K. [110] proposent en 2004 une méthode d'inpainting qui combine une méthode de synthèse de texture et de propagation des structures linéaires. L'algorithme permet de reconstruire de manière automatique les régions supprimées de l'image par recopie de patchs situés dans une certaine fenêtre autour de la zone à remplir. La texture de la lésion étant conservée, cet algorithme est bien adapté aux images dermoscopiques.

Dans notre travail, nous avons réalisé une suppression des poils, en se basant sur les opérations de morphologie mathématiques en inspirant de la méthode DullRazor [107].

La méthode consiste à appliquer deux fermetures morphologiques successives. Dans chaque fermeture, on choisit un élément structurant de type ligne de taille (10,70) et (10,100) successivement. La méthode est appliquée à une portion centrée de l'image originale. Les résultats obtenus sont présentés dans la figure V.2:



(a) (b) (c)

Figure V.2: Résultat du prétraitement : (a) Image original avec des poils, (b) image centrée sans bords et avec des poils (c) résultat du prétraitement après suppression des poils.

V.2.2 Segmentation

La phase de la segmentation a pour but d'identifier avec précision la zone contenant la lésion, qui est considérée comme zone d'intérêt, de la peau saine. Cette phase joue un rôle primordial dans un système d'aide au diagnostic puisque les traitements ultérieurs, à savoir, l'extraction des caractéristiques et la classification, sont fortement liés au résultat de la segmentation. En effet, une bonne détection du contour de la lésion amène à une bonne description de ses caractéristiques, ainsi, on peut garantir une classification minimisant le taux des faux positifs et maximisant le taux des vrais négatifs.

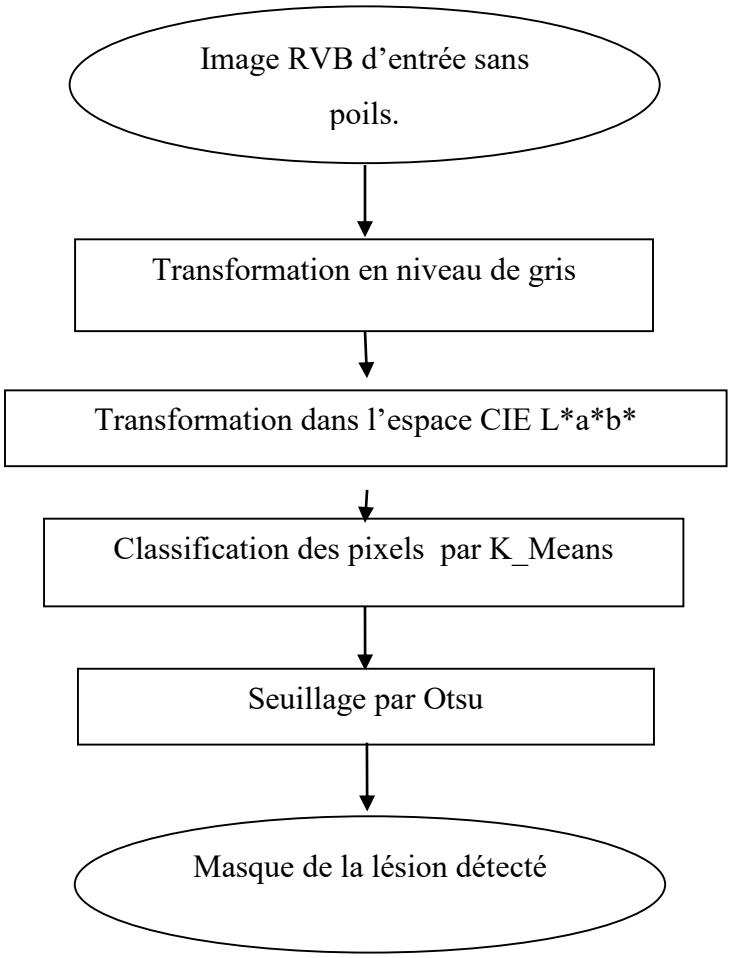
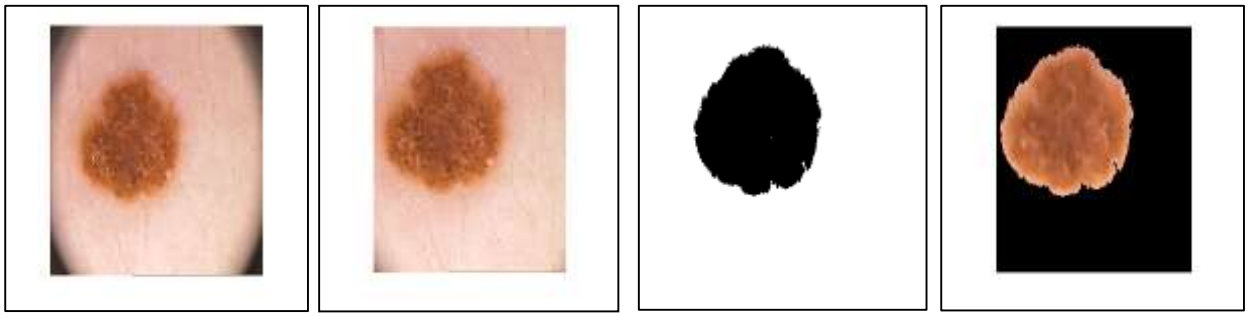


Figure V. 3: Diagramme qui décrit la phase de segmentation

Notre phase de segmentation se déroule comme décrit dans la figure V.3:

Tout d'abord l'image résultant de la phase de prétraitement est convertit de la base RVB au niveau degré, puis transformée à la base L*a*b. Ensuite, nous appliquons une classification des pixels de l'image à l'aide de l'algorithme de classification de K-Means, Par la suite, nous étiquetons les pixels de l'image en fonction des résultats de la classification. Enfin, nous finalisons notre traitement de segmentation en identifiant les deux classes, l'une représentant la lésion et l'autre représentant la peau saine, à l'aide de la méthode de seuillage d'Otsu [28].

Un exemple des résultats de la détection de la lésion est montré dans la figure V.4



(a) (b) (c) (d)

Figure V. 4: Résultat de la segmentation : (a) image originale ; (b) zone capturée de l'image contenant la lésion ; (c) masque de la lésion segmentée ;(d) lésion segmentée.

V.2.3 Extraction des caractéristiques

Dans cette section, nous décrirons les paramètres visant à caractériser la lésion extraite. Ces caractéristiques sont calculées à partir des aspects couleur, forme et de la structure de l'image dermoscopique. Nous extrayons ces caractéristiques en nous basant tout d'abord sur la règle ABCD, puis en utilisant la matrice de cooccurrence GLCM.

a) L'extraction des caractéristiques géométrique ABCD

→L'Asymétrie:

La règle ABCD est une méthode de diagnostic clinique utilisée pour évaluer les lésions cutanées. Les critères ABCD incluent l'Asymétrie, les Bords irréguliers, la Couleur variée et un Diamètre supérieur à 6 millimètres. Ces aspects fournissent des indications sur la nature potentiellement maligne d'une lésion cutanée. Dans cette partie l'automatisation de la Règle ABCD par les techniques de traitement d'images est présentée.

Pour calculer l'indice d'asymétrie, on suit les étapes suivantes :

- Calculer la surface totale du masque segmenté.
- Déterminer le centre de la lésion C tel que :

$$C(x_c, y_c) = \left(\frac{\sum_{i=1}^{n} x_i}{n}, \frac{\sum_{i=1}^{n} y_i}{n}\right) \quad (33)$$

- Déterminer les deux axes principaux, à savoir l'axe vertical et l'axe horizontal, de la lésion en passant par le centre C.
- Calculer ΔA_1 : la différence entre la partie supérieure et celle inférieure de la lésion suivant l'axe horizontal en utilisant l'opérateur XOR.
- Calculer ΔA_2 : la différence entre la partie droite et celle gauche de la lésion suivant l'axe vertical.
- Calculer AI_1 et AI_2 tel que :

$$AI_1 = \frac{\Delta A_1}{A_1} \tag{34}$$

$$AI_2 = \frac{\Delta A_2}{A_2} \tag{35}$$

➡ L'indice d'asymétrie est

$$AI = \frac{AI_1 + AI_2}{2} \tag{36}$$

→L'irrégularité de la **Bordure:**

Pour calculer l'irrégularité de la bordure d'une lésion plusieurs paramètres existent qui sont :

- L'indice de Compacité :

$$CI = \frac{P^2}{4\pi A} \tag{37}$$

Tel que P est le périmètre de la lésion et A la surface de la lésion.

- Variation du gradient

$$rd = \sqrt{(m - c_x)^2 + \left(n - c_y\right)^2} \quad (38)$$

Tel que, c_x et c_y sont respectivement les cordonnées x et y du C le centre de la lésion, m et n sont respectivement les cordonnées x et y du point existant dans le périmètre de la lésion.

- Dimension Fractale :

C'est une méthode multi-échelle, elle a démontré une forte corrélation avec la notion d'intuition humaine vis-à-vis du taux de courbure d'une ligne. Pour le calcul de Fd, on utilise la méthode comptage en boîte (Box-Counting), qui fait un mappage au niveau du contour de l'image, dans lequel le bord de la lésion est déterminée puis recouverte d'une grille et le nombre de boîtes occupées dans la grille est compté. Ce processus est répété en utilisant une grille plus fine avec des boîtes jusqu'à ce que nous finissions par capturer avec précision la structure du motif.

La dimension fractale est exprimée par :

$$Fd = \frac{\log(B)}{\log(r)} \quad (39)$$

Tel que :

B est le nombre de plus petites cases qui couvraient la ligne de contour

r est l'inverse de la plus petite longueur du côté de la boîte.

- La transition pigmentée :

Ce paramètre indique la transition de pigmentation entre la lésion et la peau qui l'entoure, et est ce qu'elle s'estompe lentement, ou a-t-elle un changement abrupt qui est considéré comme un signe d'avertissement. Il est calculé à partir de la moyenne et de la variance du gradient de l'intensité lumineuse de la lésion.

Pour en faire on commence simplement par convertir la lésion segmentée de la base RVB à la base HSV, puis par mesurer le gradient du canal V et calculant sa moyenne (Pm) et sa variance (Pv).

Dans notre travail, nous avons déterminé l'irrégularité de la bordure par la dimension fractale.

→Variation de couleur

Dans une image dermoscopique la lésion contient plusieurs couleurs et selon des études cliniques les six couleurs principales à détecter pour prévoir la malignité d'une lésion cutanée sont : le noir, le brun foncé, le brun clair, le gris bleu, le rouge et le blanc.

Pour la variation de couleur, l'image est d'abord convertie du plan RVB vers le plan HSV, puis les drapeaux correspondant à chaque couleur sont utilisés pour représenter leur présence dans l'image. Enfin, le nombre de drapeaux est compté et considéré comme un nombre de couleurs dans la lésion.

→Diamètre

L'indice de diamètre est obtenu en calculant le nombre de pixels dans le petit axe principal.

b) **Le TDS (Total Dermoscopy Score)**

Chaque critère de la règle ABCD est associé à un coefficient de multiplication, en additionnant les différents scores, on obtient le TDS qui peut varier de 1 à 8,9

$$TDS = [(\text{A_score} \times 1.3) + (\text{B_score} \times 0.1) + (\text{C_score} \times 0.5) + (\text{D_score} \times 0.5)] \quad (40)$$

Une lésion avec une valeur TDS inférieure à 4,75 peut être considérée comme une lésion mélanocytaire **bénigne**.

Une lésion avec une valeur TDS comprise entre 4,75 et 5,45 est considérée comme **suspect**, et devrait être suivi.

Enfin, une valeur TDS supérieure à 5,45 indique que la lésion est hautement suspecte d'être un mélanome [111].

c) Les caractéristiques textuelles de l'image

Dans cette partie on va décrire les paramètres textuelles, utilisés, en combinaison avec les indices déjà extraits, pour la caractérisation de la lésion segmentée, ces caractéristiques sont calculées à partir des aspects couleur et structure de l'image dermoscopique et ils sont extraits en se basant sur la matrice de cooccurrence GLCM

Nous avons extrait 13 caractéristiques de l'image, qui sont :

Le contraste, La corrélation, L'énergie, L'Homogénéité, La moyenne, La déviation standard ou l'écart type, L'entropie, la racine moyenne quadratique, La variance, Le lissage (Smoothness), Le Kurtosis et le coefficient de dissymétrie.

d) La Matrice de co-occurrence GLCM

La matrice de co-occurrence est connue sous le nom GLCM (Gray Level Co-occurrence Matrix), c'est une méthode statistique importante pour la caractérisation de l'image à base de la texture. Elle a été proposée pour la première fois par Harlick [112] dans les années 70. et du fait de leur richesse en information, la matrice de cooccurrence GLCM de texture est largement utilisée dans l'analyse des images. Elle est facile à mettre en œuvre et donne de bons résultats sur plusieurs types de texture. Elles estiment des propriétés des images relatives à des statistiques de second ordre. Dans la plupart des applications, cette matrice est utilisée pour la segmentation des images en analysant sa texture [113]. Dans notre travail, on va l'utiliser pour extraire les caractéristiques de la lésion d'une image dermoscopique.

La matrice de co-occurrence C d'un vecteur de déplacement (Δx, Δy) d'une image I de taille (m*n) est définie par la formule suivante :

$$C_{\Delta x \Delta y}(x,y) = \sum_{p=1}^{n} \sum_{q=1}^{m} \begin{cases} 1, & si\ I(p,q) = i\ et\ I(p+\Delta x, q+\Delta y) = j \\ 0, & sinon \end{cases} \qquad (41)$$

Cette matrice de co-occurrence est construite en comptabilisant le nombre de paires de pixels (pour toutes les combinaisons de paires de valeurs disponibles) séparés d'une même distance suivant une certaine orientation et ceci dans une fenêtre de taille à définir. Ce sont ces paramètres, de distance et d'orientation, qui introduisent des règles spatiales qui vont caractériser la texture

dans l'image. Chaque attribut dérivé de cette matrice est susceptible d'être représentatif d'une caractéristique précise de la texture de l'image étudiée.

Les paramètres extraits de GLCM et utilisés dans cette partie sont présentés dans le tableau suivant, avec leurs formules mathématiques et leurs descriptions :

Tableau 3.Paramètres dérivés de la matrice de co-occurrence GLCM

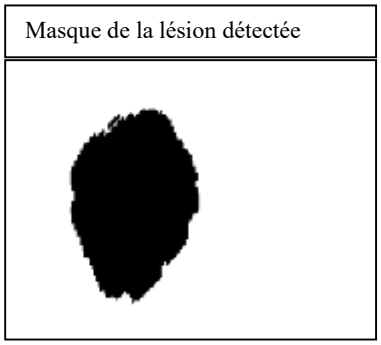
Mesure	Formule mathématique	Description
L'énergie :	$\sum_{i,j} P(i,j)^2$ (42)	Ce paramètre mesure l'uniformité de la texture. Il atteint de fortes valeurs lorsque la distribution des niveaux de gris est constante ou de forme périodique. Dans ce dernier cas, les valeurs élevées d'énergie sont obtenues pour les matrices P (d, θ) lorsque (d, θ) correspond à la période.
L'entropie :	$-\sum_{i,j} P(i,j)\log P(i,j)$ (43)	Ce paramètre sert à mesurer le caractère aléatoire de la distribution des intensités
L'Homogénéité :	$\sum_{i,j} \frac{1}{1+(i-j)^2} P(i,j)$ (44)	Ce paramètre indique une mesure de l'uniformité des niveaux de gris de l'image.
Le contraste ou L'Inertie :	$\sum_{i,j} (i-j)^2 P(i,j)$ (45)	Mesure les variations locales de niveau gris dans la matrice de co-occurrence.
La Corrélation :	$\sum_{i,j} \frac{(i-\mu)(j-\mu)}{\sigma^2} P(i,j)$ (46)	Mesure la dépendance linéaire entre Les pixels voisins
Shade :	$\sum_{i,j} (i+j-2\mu)^3 P(i,j)$ (47)	C'est une mesure des concepts perceptuels d'uni-formalité d'une image. Quand cette mesure est grande, l'image est asymétrique.
La Prominence :	$\sum_{i,j} (i+j-2\mu)^4 P(i,j)$ (48)	C'est aussi une mesure d'asymétrie, quand la valeur de proéminence est haute, l'image est moins symétrique. En plus, quand la valeur de proéminence est basse, il y a un pic dans la matrice GLCM autour des valeurs moyennes.
La Variance :	$\sum_{i,j} (i-\mu)^2 P(i,j)$ (49)	La variance met de relativement hauts poids sur les éléments qui diffèrent de la valeur moyenne de p (i, j). Il fait allusion à la variabilité de niveau de gris des paires de pixel et elle est aussi une mesure de diversité. La variance augmente quand les valeurs d'échelle grise diffèrent de leurs moyens

Moyenne	$\mu_i = \sum_i i p_{i,j}$ (50)	la moyenne des entrées normalisées pour le pixel de référence de valeur i
La déviation standard ou écart-type	$\sigma = \sum_i P_{i,j}\left(j - \mu_j\right)^2$ (51)	La déviation standard ou écart-type d'une distribution consiste en la moyenne des déviations entre les valeurs et la moyenne pour chaque observation. Le calcul de cette valeur est intéressant pour évaluer l'uniformité d'une image. Plus ce nombre est élevé, plus il y a de pixels qui s'écartent fortement de la moyenne.
Skewness	$\mu^3 = \sum_{i=0}^{L-1}(z_i - m)^3 p(z_i)$ (52)	En théorie des probabilités et statistique, le coefficient de dissymétrie (skewness en anglais) correspond à une mesure de l'asymétrie de la distribution d'une variable aléatoire réelle. C'est le premier des paramètres de forme, avec le kurtosis (les paramètres basés sur les moments d'ordre 5 et plus n'ont pas de nom attribué). En termes généraux, l'asymétrie d'une distribution est positive si la queue de droite (à valeurs hautes) est plus longue ou grosse, et négative si la queue de gauche (à valeurs basses) est plus longue ou grosse.
Inverse Différence	$IDM = \sum_{i=0}^{Ng-1} \sum_{j=0}^{Ng-1} \frac{1}{1+(i-j)2} p(i,j)$ (53)	Mesure de l'homogénéité des valeurs de pixel, inversement proportionnel à l'inertie.
Le kurtosis	$S_k = \frac{1}{\sigma_b^4} \sum_{b=0}^{L-1}\left(b - \bar{b}\right)^4 p(b) - 3$ (54)	En théorie des probabilités et en statistique, le kurtosis, traduit par coefficient d'aplatissement, correspond à une mesure de l'aplatissement, ou inversement de la pointicité, de la distribution d'une variable aléatoire réelle

V.2.4 Résultats expérimentaux

a) **Pour une image contenant une lésion bénigne**





Caractéristiques extraites:

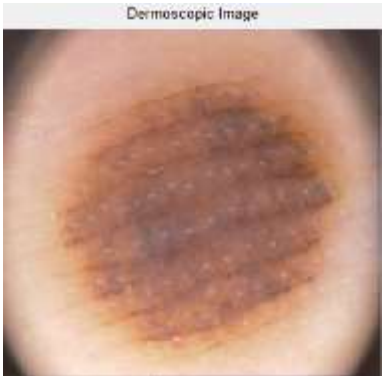
Mean	*Standard Deviation*	*Entropy*	*RMS*	*Variance*	*Smoothness*
0.00333172	0.0897529	0.0033	0.0898027	0.00805458	0.92534

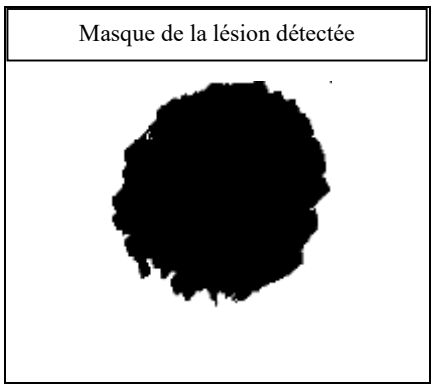
Kurtosis	*Skewness*	*IDM*	*Contrast*	*Correlation*	*Energy*	*Homogeneity*
8.65145	0.68472	-0.0475944	0.25	0.164225	0.772009	0.937403

Type of Tumor BENIGN

Figure V. 5: Simulation pour une image contenant une lésion bénigne.

b) **Pour une image contenant une lésion maligne**





Caractéristiques extraites :

Mean	*Standard Deviation*	*Entropy*	*RMS*	*Variance*	*Smoothness*
0.00508522	0.0896706	3.44118	0.0898027	0.00802245	0.949792

Kurtosis	*Skewness*	*IDM*	*Contrast*	*Correlation*	*Energy*	*Homogeneity*
9.39396	0.933709	0.608664	0.303949	0.0651232	0.753318	0.930937

Type of Tumor MALIGNANT

Figure V. 6: Simulation pour une image contenant une lésion maligne.

L'approche proposée a atteint un niveau de sensibilité, spécificité et précision, de: 73,33 %, 86,66 % et 82,22 % respectivement, avec un temps d'exécution raisonnable. (Figures V.5 et V.6).

V.3 Classification ensembliste pour la détection du mélanome

La classification ensembliste repose sur le principe de combiner les résultats de plusieurs modèles de classification, homogènes ou hétérogènes, pour aboutir à une décision plus robuste et précise. Dans le contexte de l'analyse des images dermatoscopiques, cette méthode offre des avantages significatifs en termes de précision diagnostique. Dans cette section on présente notre modèle pour Le diagnostic du mélanome à base de la classification ensembliste et la décomposition multi-échelle de l'image, tel que décrit dans notre dernier travail publié [114].

V.3.1 Approche proposée par vote majoritaire

L'approche proposée pour le diagnostic du mélanome repose sur une méthodologie systématique visant à exploiter les informations extraites des images dermoscopiques. La phase de segmentation des images dermoscopiques repose sur une décomposition multi-échelle, améliorant la précision de la segmentation en distinguant les composants objet et texture, et en utilisant la méthode d'Otsu, nous identifions la région de la lésion et de la peau saine. Ensuite, nous extrayons les caractéristiques de forme, texture, et couleur, que nous classons avec trois classifieurs SVM. La décision finale est obtenue par un vote majoritaire. Le processus est illustré dans la figure V.7, et détaillé ultérieurement.

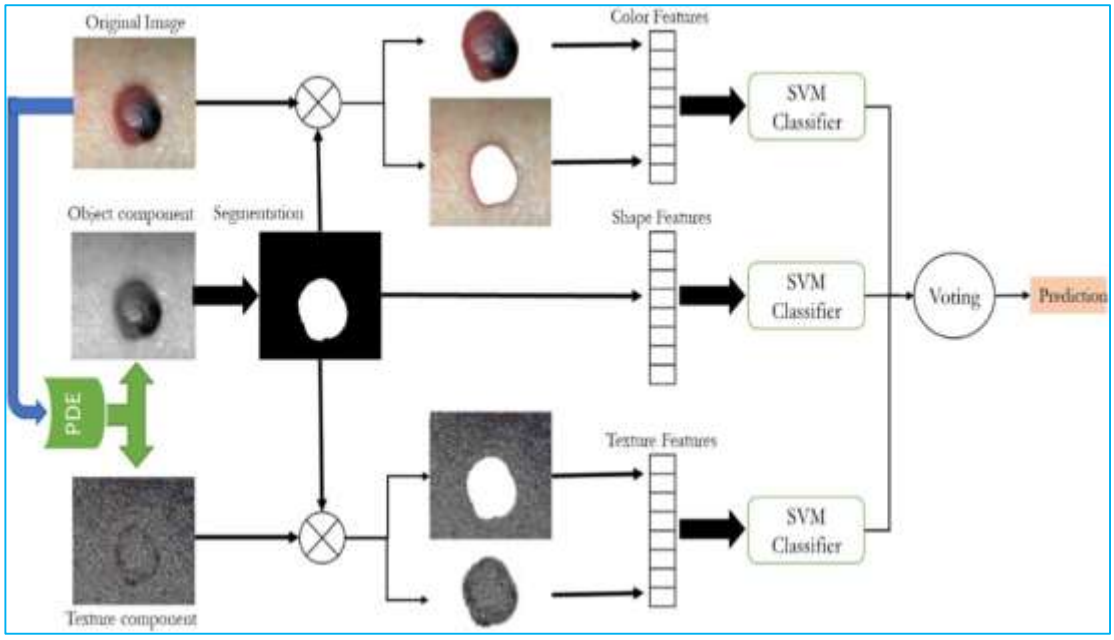


Figure V.7: diagramme schématique illustrant la méthode proposée en utilisant le vote majoritaire.

a) Décomposition Objet-Texture

La première étape consiste à appliquer la décomposition objet-texture d'Osher-Vese aux images dermoscopiques. Cette décomposition permet de séparer l'image en deux composantes distinctes : le composant objet, qui représente les informations géométriques, et le composant texture, qui capture les détails texturés de l'image. Les spécificités de la décomposition objet-

texture utilisée, sont exposées dans le chapitre méthodologie. Un exemple des résultats de la décomposition est illustré dans la figure V.8.

b) Segmentation avec la Méthode d'Otsu

Le composant objet obtenu, de la phase de décomposition, est utilisé comme entrée de la phase de segmentation en appliquant la méthode d'Otsu [115]. Cette approche de seuillage automatique est suffisante pour une segmentation précise, pour distinguer la lésion de la peau saine.

La décomposition de l'image simplifie le processus de segmentation, ce qui rend le seuillage d'Otsu particulièrement efficace pour identifier la lésion dans l'image dermoscopique[116].

c) Projection du Masque sur l'Image en Couleur

Une fois la segmentation effectuée, un masque résultant de la segmentation est projeté sur l'image en couleur. En superposant ce masque sur l'image couleur d'origine, nous réalisons une opération pixel par pixel. Techniquement, chaque pixel de l'image couleur est modifié en fonction de la valeur correspondante dans le masque. Si un pixel dans le masque est noir (représentant la lésion), la couleur d'origine de ce pixel dans l'image couleur est préservée. Si le pixel dans le masque est blanc, la couleur de l'image couleur à cet emplacement est généralement réduite ou complètement supprimée, mettant en évidence la lésion. Cette projection permet de déterminer la lésion en couleur, facilitant ainsi l'identification visuelle de la zone concernée. Cette opération crée deux nouvelles images ; une avec lésion en couleur et le reste de l'image est atténuée, et autre avec la peau saine en couleur intensifiée tandis que la zone de lésion est atténuée.

d) Projection du Masque sur la Partie Texture

Simultanément, une autre projection est effectuée sur la partie texture de l'image. Cela permet d'extraire la partie texture spécifique à la lésion et à la peau saine, fournissant des informations détaillées sur la texture de l'image entière.

Un exemple des résultats de la segmentation est illustré dans la figure V.8.

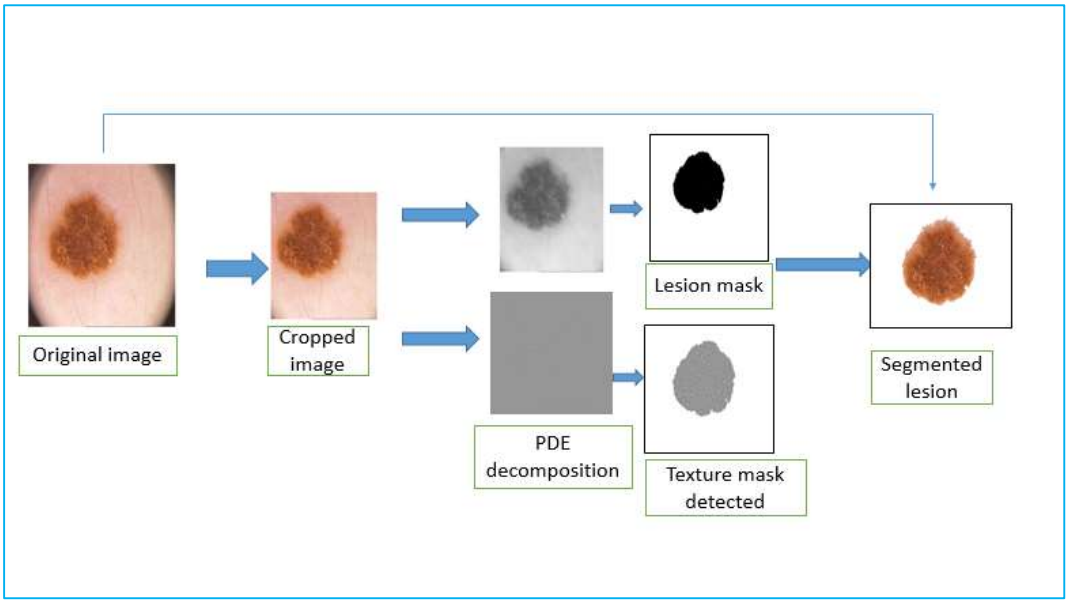


Figure V.8: Exemple des résultats obtenu pour la phase de segmentation de notre modèle.

e) Extraction des Caractéristiques

Après la segmentation, des caractéristiques sont extraites de la zone de la lésion ainsi que de la peau saine. Ces caractéristiques incluent des informations sur la forme, la texture et la couleur, fournissant une représentation complète des régions d'intérêt. Les caractéristiques couleurs sont extraites de la lésion couleur détectée et de la peau saine, obtenu de la projection du masque sur l'image en couleur, tandis que les caractéristiques texture sont obtenu des parties texture de la lésion et de la peau saine, obtenu de la projection de masque sur partie texture de l'image. Les caractéristiques de la forme sont obtenues directement de masque de la lésion extrait de la segmentation.

Nous exposons en détail les caractéristiques utilisés dans notre processus.

- **Caractéristiques de couleur**

Le mélanome se caractérise par six couleurs distinctes, comprenant le noir, le rouge, le bleu gris, le blanc, le brun clair, et le brun foncé [114].

$$\text{Noir} = (\sum (CR<0.2 \ \& \ CG<0.2 \ \& \ CB<0.2) / N) * 100 \quad (55)$$

$$\text{Rouge} = (\sum (CR>0.8 \ \& \ CG<0.2 \ \& \ CB<0.2) / N) * 100 \quad (56)$$

$$\text{Bleu gris} = (\sum (CR<0.2 \ \& \ CG>0.32 \ \& \ CG< 0.72 \ \& \ CB>0.34 \ \& CB<0.74) /N) *100 \quad (57)$$

$$\text{Blanc} = (\sum (CR>0.8 \ \& \ CG>0.8 \ \& \ CB>0.8)/N) *100 \quad (58)$$

$$\text{Brun clair} = (\sum (CR>0.6 \ \& \ CR<1 \ \& \ CG>0.32 \ \& \ CG< 0.72 \ \& \ CB>0.05 \ \& CB<0.45)/N) *100 \quad (59)$$

$$\text{Brun foncé} = (\sum (CR>.2 \ \& CR<.6 \ \& CG>0.06 \ \& CG< 0.46 \ \& \ CB>0 \ \& \ CB<.33)/N) *100 \quad (60)$$

N représente le nombre total de pixels, CR représente le composant rouge, CG est le vert, et CB est le bleu dans le canal RVB. Nous additionnons les valeurs des six couleurs pour déterminer le nombre total de couleurs caractérisant l'image.

- **Caractéristiques de forme**

À partir des informations de forme des images dermoscopiques, nous extrayons huit caractéristiques : le plus petit et le plus grand diamètre, la surface, le périmètre, l'excentricité, l'étendue et la circularité[117].

• Plus petit et plus grand diamètre : ce sont la distance minimale et maximale entre deux points le long de la frontière de l'objet dans l'image.

• Surface : représente le nombre total de pixels à l'intérieur de la frontière de l'objet sur l'image.

• Périmètre : indique la longueur totale de la frontière de l'objet dans l'image.

• Excentricité : mesure l'allongement ou la circularité d'un objet, avec des valeurs allant de zéro (un cercle parfait) à un (une forme fortement allongée).

• Étendue : est le rapport de la surface de l'objet à la surface du plus petit rectangle pouvant englober l'objet.

• Circularité : mesure à quel point un objet est circulaire, calculée comme le rapport du périmètre au carré à la surface de l'objet.

Pour extraire les informations les plus significatives de la forme, nous utilisons neuf caractéristiques supplémentaires basées sur le squelette, notamment les dimensions (largeur et longueur), le nombre de points d'extrémité, le nombre de points de branchement, la taille du squelette, le nombre de sous-branches, la longueur maximale et minimale, et la longueur relative de la largeur (RWL), comme décrit dans[117].

- **Les caractéristiques de la texture**

L'extraction des caractéristiques de texture a été réalisée en utilisant la Matrice de Co-occurrence des Niveaux de Gris (GLCM), décrite précédemment dans le chapitre méthodologie, et le Modèle Local Binaire (LBP).

Pour créer un vecteur de caractéristiques LBP, on a les étapes suivantes :

1. L'image est divisée en cellules, par exemple, 16 × 16 pixels par cellule.
2. Pour chaque pixel dans une cellule, sa valeur est comparée à celle de ses huit voisins.
3. Si la valeur du pixel central est supérieure à celle de ses voisins, un "0" est enregistré. Sinon, un "1" est enregistré.
4. L'histogramme de la cellule est calculé, puis normalisé.

f) Classification par SVM

Les caractéristiques extraites sont ensuite utilisées comme entrées pour trois classifieurs SVM distincts, chacun adapté à un type spécifique de caractéristiques : forme, texture et couleur. Chaque classifieur génère un diagnostic distinct basé sur ses entrées respectivement.

g) Vote Majoritaire pour la décision finale

Enfin, la décision finale est obtenue en appliquant un vote majoritaire. Les diagnostics des trois classifieurs sont pris en compte, et la classe majoritaire est considérée comme le diagnostic final du mélanome.

V.3.2 Approche proposée par vote pondéré.

Dans cette section l'approche proposée est une amélioration de la dernière approche en remplaçant le vote majoritaire par le vote pondéré.

Comme déjà mentionnée dans la section précédente, le processus débute par une décomposition multi-échelle basée sur le modèle Osher-Vese et une segmentation des images dérmoscopiques. Ensuite, nous extrayons des caractéristiques pertinentes. Après l'extraction des caractéristiques, nous utilisons trois classificateurs SVM distincts : le premier utilise l'information

de forme, le deuxième explore ceux de la couleur, et le dernier exploite les caractéristiques texturales. Ces classificateurs analysent séparément différentes propriétés d'une image dermoscopique. Enfin, une combinaison pondérée de ces trois classificateurs prédit si l'image représente un mélanome cancéreux ou bénin. Les poids des trois classifieurs sont déterminés par l'algorithme génétique en fonction de leurs performances. Une description de l'algorithme génétique utilisé est présentée dans le chapitre méthodologie. La Figure V.9 offre une illustration visuelle du modèle proposé.

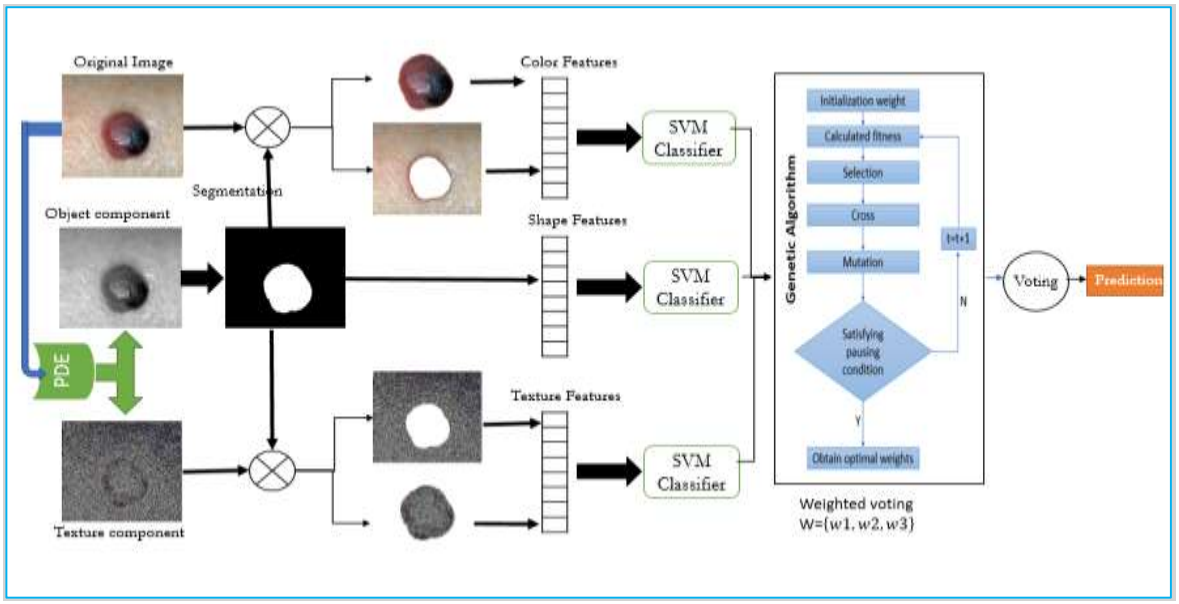


Figure V. 9: diagramme schématique illustrant la méthode proposée en utilisant le vote pondéré.

V.3.3 Résultats expérimentaux

Dans cette section, nous procédons à une étude comparative en évaluant les performances des approches de vote majoritaire (hard voting) et de vote pondéré (soft voting), ainsi que des modèles de classification basés exclusivement sur les caractéristiques de couleur, de forme et de texture. Nous comparons également ces résultats avec le modèle résultant de la fusion des trois types de caractéristiques. Cette évaluation est réalisée en utilisant les matrices de confusion pour chaque modèle.

Pour le teste et la validation des modèles proposés, nous avons divisé de manière aléatoire les 200 images de la base de données PH2 en deux sous-ensembles : un ensemble d'apprentissage

(comprenant 80% des images) et un ensemble de test (contenant 20% restants). Les matrices de confusions obtenues sont présentées, dans le tableau 4.

Tableau 4.Matrices de confusion des six modèles de classification.

		Melanoma	Non-Melanoma
En utilisant les caractéristiques de couleur	Melanoma	30	20
	Non-Melanoma	10	140
En utilisant les caractéristiques de forme	Melanoma	31	11
	Non-Melanoma	9	149
En utilisant les caractéristiques de texture	Melanoma	20	19
	Non-Melanoma	20	141
En utilisant la fusion de toutes les caractéristiques	Melanoma	37	4
	Non-Melanoma	3	156
En utilisant le vote majoritaire (hard voting)	Melanoma	38	2
	Non-Melanoma	2	158
En utilisant le vote pondéré (soft voting)	Melanoma	39	1
	Non-Melanoma	1	159

V.3.4 Evaluation des résultats

Lors de l'évaluation des performances de notre système d'aide au diagnostic visant à classer les images dermoscopiques en tant que malignes ou bénignes, nous avons employé un ensemble de métriques cruciales en classification médicale.

L'une de ces métriques clés est **l'Accuracy**, qui nous renseigne sur la proportion totale de prédictions correctes effectuées par notre modèle. C'est l'équivalent de la capacité de notre système

à diagnostiquer de manière précise l'ensemble des cas, que ce soient des cas de mélanome potentiellement mortels ou des cas bénins moins préoccupants. **La sensibilité**, quant à elle, revêt une importance particulière dans notre contexte, car elle évalue la capacité de notre modèle à détecter correctement les cas de mélanome parmi l'ensemble des cas de mélanome réels. Nous cherchons à minimiser les faux négatifs, car une classification incorrecte des cas de mélanome peut avoir des conséquences graves. D'autre part, **la spécificité** évalue notre capacité à identifier correctement les cas bénins parmi l'ensemble des cas bénins réels, évitant ainsi les faux positifs qui pourraient entraîner une inquiétude inutile pour les patients. Ces métriques fondamentales, associées à notre expertise en dermatoscopie et à notre modèle de classification, nous permettent d'évaluer la capacité de notre système à prendre des décisions cruciales pour le diagnostic précoce du mélanome cutané (figure V.10).

Tableau 5.Métriques d'évaluation de la classification basée sur les six modèles

Méthodes	Accuracy	Sensibilité	Spécificité
En utilisant les caractéristiques de couleur	0.85	0.75	0.87
En utilisant les caractéristiques de forme	0.90	0.77	0.93
En utilisant les caractéristiques de texture	0.80	0.50	0.88
En utilisant la fusion de toutes les caractéristiques	0,96	0,92	0,97
En utilisant le vote majoritaire (hard voting)	0,98	0,95	0,98
En utilisant le vote pondéré (soft voting)	**0,99**	**0,975**	**0,99**

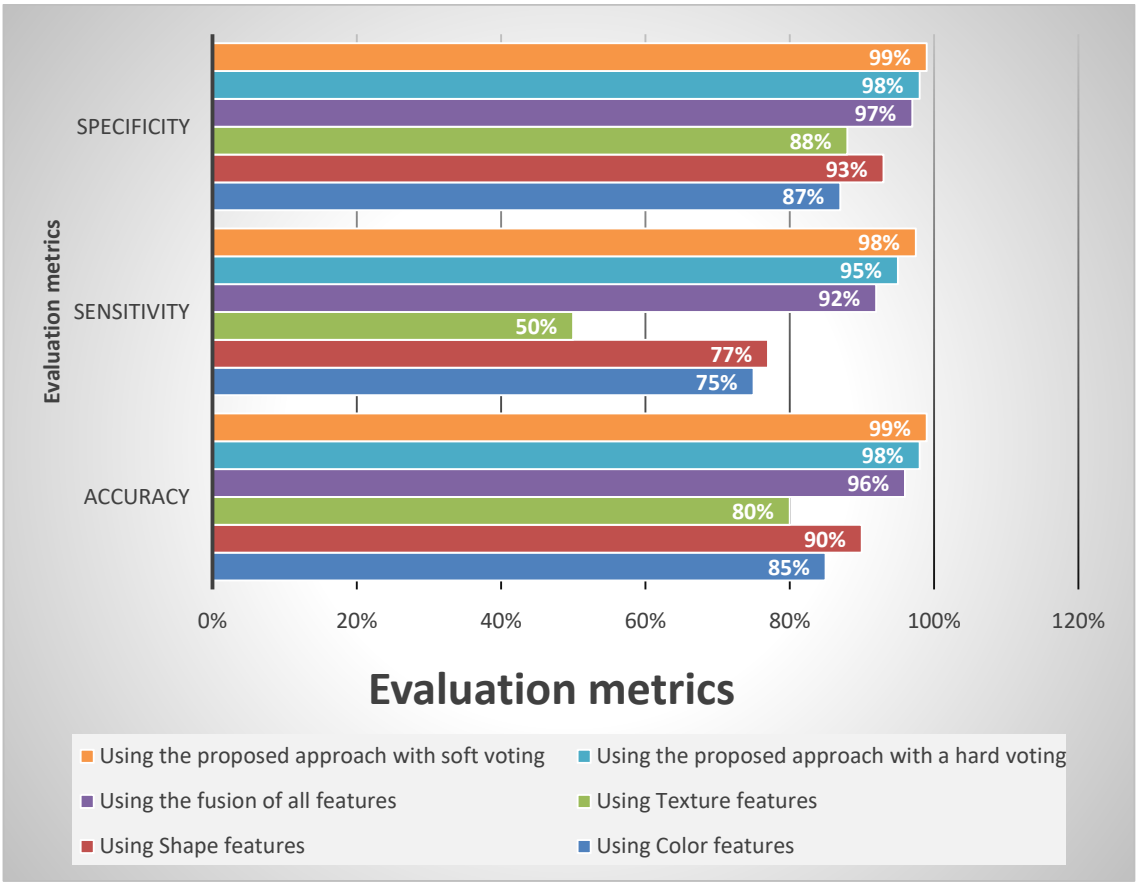


Figure V.10: Comparaison des Performances de Différentes Méthodes de Classification

V.4 **Conclusion**

Dans ce chapitre nous avons présenté, dans un premier temps, notre première approche pour l'aide aux diagnostics du mélanome, qui a pu classer les images dermoscopiques en tant que malignes ou bénignes. L'approche proposée a été testé sur la base de données PH^2 des images, et elle a obtenu des résultats satisfaisants ; 73,33 % de sensibilité, 86,66 % de spécificité et 82,22 % de précision. Dans un second temps, nous avons abordé la classification des images dermoscopiques par l'apprentissage ensembliste. Qu'il s'agisse de bagging, boosting, stacking ou du vote, l'apprentissage ensembliste représente une stratégie intelligente pour améliorer la robustesse et la performance des modèles de machine Learning en capitalisant sur la diversité des approches et des perspectives qu'ils offrent. Ainsi, nous avons proposé un modèle efficace pour le diagnostic du mélanome en tirant parti d'une fusion de méthodologies d'apprentissage automatique et de traitement d'image. Un aspect clé de notre approche est la décomposition d'images, améliorant

significativement la segmentation des images dermoscopiques pour une délimitation précise des lésions.

Le cœur de notre méthodologie de classification réside dans l'apprentissage en ensemble, avec un schéma de vote majoritaire et pondéré impliquant trois classificateurs à vecteurs de support (SVM). Chacun de ces classificateurs est spécialisé dans l'évaluation de différents aspects des images dermoscopiques, couvrant les caractéristiques de forme, de couleur et de texture.

À travers des expérimentations sur la base de données PH2, notre modèle a démontré des performances remarquables. Il atteint un taux de précision impressionnant de 99 %, mettant en avant sa compétence pour un diagnostic précis du mélanome. De plus, le modèle affiche une sensibilité louable de 97,5 % et une spécificité de 99 %, confirmant sa fiabilité pour identifier correctement les cas de mélanome tout en minimisant les faux positifs.

Ces résultats marquent une avancée significative dans le domaine du diagnostic du mélanome, soulignant l'efficacité des techniques d'apprentissage en ensemble, en particulier du vote majoritaire et pondéré, comme des outils puissants pour améliorer les capacités de diagnostic. Notre étude illustre le potentiel de l'utilisation conjointe de l'apprentissage automatique et du traitement d'images pour accroître la précision et la fiabilité du diagnostic du mélanome, contribuant ainsi à des interventions plus efficaces et opportunes pour les patients.

Conclusion générale

Le mélanome, étant le type de cancer cutané le plus dangereux, en raison de sa rapide croissance et sa tendance à métastaser, dénote l'importance vitale de la détection précoce pour améliorer les chances de guérison et de survie des patients. À travers l'exploitation des modalités d'imagerie et des techniques d'analyse et de classification avancées, notamment la dérmoscopie, il est désormais envisageable de développer des systèmes d'aide au diagnostic du mélanome. Ces systèmes fournissent un second avis précieux aux dermatologues pour évaluer la malignité des lésions détectées sur les images dermoscopiques.

Notre recherche s'est concentrée sur deux axes principaux : la segmentation et la classification des images dermoscopiques, visant à améliorer l'efficacité des systèmes d'aide au diagnostic du mélanome. Dans une première partie, nous avons utilisé les algorithmes de classification floue pour la segmentation, en explorant la méthode FCM (Fuzzy C-Means) et ses extensions, pour déterminer l'approche la plus adéquate pour l'identification la plus précise des lésions. Dans ce cadre, une contribution remarquable a été introduite qui constitue le développement d'une méthode de segmentation basée sur la décomposition multi-échelle des images couleurs, exploitant directement les composantes R, G, et B grâce à la décomposition multi échelle objet-texture de Vese-Osher et l'algorithme FCM. Cette technique a amélioré la qualité de la segmentation pour détecter correctement la zone de la lésion par rapport aux approches précédentes. Nous avons également mis en œuvre une stratégie de segmentation innovante utilisant l'optimisation par les colonies de fourmis (ACO), où un ensemble de fourmis virtuelles parcourent l'image pour générer une matrice de phéromones reflétant les contours détectés, basée sur les variations d'intensité de l'image.

En seconde partie, nous avons proposé deux modèles de systèmes d'aide au diagnostic exploitant les avancées en traitement d'images et en apprentissage automatique. Le premier modèle intègre un processus en quatre étapes, allant du prétraitement à la classification, utilisant des techniques telles que K-Means pour la segmentation et SVM pour la classification, avec des performances prometteuses sur la base PH2. Le second modèle, basé sur l'apprentissage ensembliste (Ensemble Learning), combine les forces de trois classificateurs SVM entrainés séparément sur les trois types de caractéristiques (forme, couleur et texture), pour une classification

plus performante des images dermoscopiques, démontrant une précision remarquable sur les bases PH2 et ISIC.

Ces travaux illustrent le potentiel significatif de combiner l'apprentissage automatique avec le traitement d'images pour renforcer la précision et la fiabilité dans le diagnostic du mélanome. En perspective, nous envisageons d'explorer le potentiel du Deep Learning et d'étendre notre étude à d'autres bases de données, dans le but de perfectionner davantage le système d’aide au diagnostic des lésions cutanées.

Références Bibliographiques

[1] M. Tarwate et al., « Mélanome cutané épais: facteurs de mortalité et de survenue de métastases », Pan African Medical Journal, vol. 18, 12 2014, doi: 10.11604/pamj.2014.18.44.2812.

[2] A. DR. EL Haouari, « Aspects Cliniques, Anatomopathologiques, Therapeutiques Et Evolutifs Des Melanomes Cutanes Et Muqueux au CHU HASSAN II de FES », 2015.

[3] A. A. Tarhini, P. M. Thalanayar, « Melanoma Adjuvant Therapy », Hematology/Oncology Clinics of North America, vol. 28, no 3, p. 471-489, juin 2014, doi: 10.1016/j.hoc.2014.02.004.

[4] Dr Roselyne Delaveyne, Dr Michel Le Maître, Anne-Line Couillerot-Peyrondet, Dr Annie Rudnichi. Haute Autorité de santé/Service évaluation des actes professionnels, « Dermatoscopie [Dermoscopie] Pour Surveillance Cutanée », novembre 2007.

[5] Argenziano,G.,Soyer,H.P.,Chimenti,S.,Talamini,R.,Corona,R.,Sera,F.,Binder,M.,Kopf, A.W, « Dermoscopy of pigmented skin lesions: results of a consensus meeting via the internet. », J. Am. Acad. Dermatol. 48(5), 680–693, 2003.

[6] R. P. Braun, H. S. Rabinovitz, M. Oliviero, A. W. Kopf, et J. H.Saurat, « Dermoscopy of pigmented skin lesions,. », the American Academy of Dermatology, Inc. doi:10.1016/j.jaad.2001.11.001., 2005.

[7] R. H. Johr, «Dermoscopy: Alternative melanocytic algorithms - the ABCD rule of dermatoscopy, menzies scoring method, and 7-point checklist, » Clinics in Dermatology, vol. 20, no. 3, pp. 240–247, 2002.

[8] J. Malvehy, S. Puig, R. P. Braun, A. A. Marghoob, et A. W. Kopf, «Handbook of Dermoscopy»,Taylor & Francis, 1 ed., 2006.

[9] R. A. Schwartz, «Skin Cancer: Recognition and Management. », Wiley-Blackwell, 2 ed., 2008.

[10] H. P. Soyer, G. Argenziano, S. Chimenti, S. W. Menzies, H. Pehamberger, H. S. Rabinovitz, W. Stolz, and A. W. Kopf. «Dermoscopy of pigmented skin lesions», An atlas based on the consensus net meeting on dermoscopy 2000. Milan: Edra, 2001.

[11] M. F. Warsi, U. Chauhan, S. N. Gupta, et P. Tiwari, « A comparative analysis of melanoma detection methods based on computer aided diagnose system », Materials Today: Proceedings, vol. 57, p. 1962-1968, 2022, doi: 10.1016/j.matpr.2021.10.137.

[12] S. Sachdeva, «Fitzpatrick skin typing: Applications in dermatology», Indian J Dermatol Venereol Leprol., vol. 75, no. 1, pp. 93–96, 2009.

[13] M. Teresa, ¸Pedro M. Ferreir, et all, « PH2 - A dermoscopic image database for research and benchmarking* », 2013.

[14] « ISIC | International Skin Imaging Collaboration », ISIC. Consulté le: 9 novembre 2023. [En ligne] . Disponible à: https://www.isic-archive.com/

[15] P. Brodatz, «Textures: A Photographic Album for Artists and Designers», First Edition. New York: Dover Pubns, 1966.

[16] M. Sokolova et G. Lapalme, « A systematic analysis of performance measures for classification tasks », Information Processing & Management, vol. 45, no 4, p. 427-437, juill. 2009, doi: 10.1016/j.ipm.2009.03.002.

[17] R. Sharma et V. Kukreja, « Image segmentation, classification and recognition methods for comics: A decade systematic literature review », Engineering Applications of Artificial Intelligence, vol. 131, p. 107715, mai 2024, doi: 10.1016/j.engappai.2023.107715.

[18] Frédéric PRECIOSO, « Contours actifs paramétriques pour la segmentation d'images et vidéos, » l'Université de Nice - Sophia Antipolis, 2004.

[19] N. R. Pal et S. K. Pal, « A review on image segmentation techniques », Pattern Recognition, vol. 26, no 9, p. 1277-1294, sept. 1993, doi: 10.1016/0031-3203(93)90135-J.

[20] M. EMRE CELEBI, «A State-of-the-Art Survey on Lesion Border Detection in Dermoscopy Images », dans Dermoscopy Image Analysis, 97–129 vol., CRC Press, 2015.

[21] Rafael C. Gonzalez, Richard E. Woods, «Digital Image Processing», 2nd ed. House of Electronics Industry,Beijing, 2007.

[22] M. Emre Celebi, « Lesion Border Detection in Dermoscopy Images », Comput Med Imaging Graph, mars 2009.

[23] H. Bustince, E. Barrenechea, et M. Pagola, « Image thresholding using restricted equivalence functions and maximizing the measures of similarity », Fuzzy Sets and Systems, vol. 158, no 5, p. 496-516, 2007.

[24] J. Canny, « A Computational Approach to Edge Detection », IEEE Transactions on Pattern Analysis and Machine Intelligence, vol. PAMI-8, no 6, p. 679-698, nov. 1986, doi: 10.1109/TPAMI.1986.4767851.

[25] A. Wong, J. Scharcanski, et P. Fieguth. «Automatic skin lesion segmentation via iterative stochastic region merging», IEEE Transactions on Information Technology in Biomedicine, 15(6):929–936, 2011.

[26] Ahmed Amine, Ladjici «Calcul Evolutionnaire Application sur l'Optimisation de la Planification de la Puissance Réactive »,10.13140/RG.2.1.4623.1524 ,2005.

[27] Mehmet Sezgin & Bulent Sankur, « Survey over image thresholding techniques and quantitative performance evaluation. », Journal of Electronic Imaging, 13: 146–168, 2004.

[28] N. Otsu, «A Threshold Selection Method from Gray-level Histograms» IEEE Transactions on Systems, Man and Cybernetics, vol. 9, no. 1, pp. 62-66, 1979 .

[29] JN Kapur, Prasanna K Sahoo, et Andrew KC Wong, « A new method for gray-level picture thresholding using the entropy of the histogram », Computer vision, graphics, and image processing, 29(3): 273–285, 1985.

[30] D. L. Pham, C. Xu, et J. L. Prince, « Current Methods in Medical Image Segmentation », Annual Review of Biomedical Engineering, vol. 2, no 1, p. 315-337, 2000, doi: 10.1146/annurev.bioeng.2.1.315.

[31] Haralick, R. M., Shapiro, S. G., « Survey : Image segmentation techniques », Comp. Vision Graphics and Image Processing, 29 :100–132, 1985.

[32] D. Marr et E. Hildreth, « Theory of edge detection », Proc. R. Soc. Lond. B, vol. 207, no 1167, p. 187-217, févr. 1980, doi: 10.1098/rspb.1980.0020.

[33] V. Torre et T. Poggio, « On Edge Detection », IEEE Transactions on Pattern Analysis and Machine Intelligence, vol. 8, p. 147-163, 1984.

[34] A.K. JAIN et All, « Data Clustering: A Review », 2000.

[35] B. Sowmya et B. Sheela Rani, « Colour image segmentation using fuzzy clustering techniques and competitive neural network », Applied Soft Computing, vol. 11, no 3, p. 3170-3178, avr. 2011, doi: 10.1016/j.asoc.2010.12.019.

[36] K. Siang Tan et N. A. Mat Isa, « Color image segmentation using histogram thresholding – Fuzzy C-means hybrid approach », Pattern Recognition, vol. 44, no 1, p. 1-15, janv. 2011, doi: 10.1016/j.patcog.2010.07.013.

[37] X.-Y. Wanga and J. Bu., « A fast and robust image segmentation using fcm with spatial information. », Journal of Digital Signal Processing, 20(4):1173–1182, juillet 2010.

[38] David Delgado Gómez, « Independent Histogram Pursuit for Segmentation of Skin Lesions », IEEE Transactions on Biomedical Engineering, vol. 55, NO. 1, janv. 2008.

[39] Garnavi R, « Border detection in dermoscopy images using hybrid thresholding on optimized color channels. », Comput Med Imaging Graph., mars 2011.

[40] Emre Celebi M et Wen Q, « Lesion border detection in dermoscopy images using ensembles of thresholding methods. », Skin Res Technol., févr. 2013.

[41] Philippe Schmid, « Segmentation of digitized dermatoscopic images by two-dimensional color clustering. », IEEE Trans. Med. Imaging, p. 164-171, 1999.

[42] Cucchiara,R, Grana,C, Seidenari,S, et Pellacani,G, « Exploiting color and topological features for region segmentation with recursive fuzzy C-means. », Graph. Vis. Int. J., vol. 11(2/3), p. 169-182, Mach 2002.

[43] Zhou,H.,Schaefer,G.,Sadka,A.H.,Celebi,M.E, « Anisotropic mean shift based fuzzy C-means segmentation of dermoscopy images. », IEEE J. Sel. Top. Signal Process., vol. 3(1), p. 26-34, 2009.

[44] Melli,R., Grana,C., Cucchiara,R., «Comparison of color clustering algorithms for segmentation of dermatological images. », Proceeding soft he SPIE Medical Imaging Conference, vol. 6144, p. 61443S-61443S-9, 2006.

[45] Celebi ME1, Kingravi HA, Iyatomi H, Aslandogan YA, Stoecker WV, Moss RH, Malters JM, Grichnik JM, Marghoob AA, Rabinovitz HS, Menzies SW., « Border detection in dermoscopy images using statistical region merging », Skin Research and Technology, mars 2008.

[46] Hanzheng Wang, « Watershed segmentation of dermoscopy images using a watershed technique », Skin Research and Technology, 2010.

[47] Bulent Erkol, « Automatic lesion boundary detection in dermoscopy images using gradient vector flow snakes », Skin Research and Technology, 2005.

[48] Huiyu Zhou, « Gradient vector flow with mean shift for skin lesion segmentation », Computerized Medical Imaging and Graphics, 2011.

[49] Qaisar Abbas, « A Novel Perceptually-Oriented Approach For Skin Tumor Segmentation », International Journal of Innovative Computing, Information and Control, 2012.

[50] Hadjer Laguel, « Déploiement sur une plate-forme de visualisation d'un algorithme coopératif pour la segmentation d'images IRM autour d'un système multi-agents. », Informatique [cs] ,

Université des Sciences et de la Technologie Houari Boumediene, 2010. Français. <tel-00568921>, 2010.

[51] N. K. Mishra and M. E. Celebi, « An overview of melanoma detection in dermoscopy images using image processing and machine learning », arXiv preprint arXiv:1601.07843, 2016.

[52] S. B. Kotsiantis, « Supervised Machine Learning: A Review of Classification Techniques », Informatica, 2007.

[53] Y. Wang, J. Cai, D. C. Louie, Z. J. Wang, et T. K. Lee, « Incorporating clinical knowledge with constrained classifier chain into a multimodal deep network for melanoma detection », Computers in Biology and Medicine, vol. 137, p. 104812, oct. 2021, doi: 10.1016/j.compbiomed.2021.104812.

[54] Q. Li, W. Cai, X. Wang, Y. Zhou, D. D. Feng, et M. Chen, « Medical image classification with convolutional neural network », 13th International Conference on Control Automation Robotics & Vision (ICARCV), déc. 2014, p. 844-848. doi: 10.1109/ICARCV.2014.7064414.

[55] M. A. Nogueira, P. H. Abreu, P. Martins, P. Machado, H. Duarte, et J. Santos, « Image descriptors in radiology images: a systematic review », Artif Intell Rev, vol. 47, no 4, p. 531-559, avr. 2017, doi: 10.1007/s10462-016-9492-8.

[56] A. Krizhevsky, I. Sutskever, et G. E. Hinton, « ImageNet Classification with Deep Convolutional Neural Networks », dans Advances in Neural Information Processing Systems, Curran Associates, Inc., 2012.

[57] Vladimir N. Vapnik, « The Nature of Statistical Learning Theory », ISBN 0-387-94559-8, Springer-Verlag, 1995.

[58] Q. Liu, H. Kawashima, et A. Rezaei sofla, « An optimal method for melanoma detection from dermoscopy images using reinforcement learning and support vector machine optimized by enhanced fish migration optimization algorithm », Heliyon, vol. 9, no 10, p. e21118, oct. 2023, doi: 10.1016/j.heliyon.2023.e21118.

[59] A. Gola Isasi, B. García Zapirain, et A. Méndez Zorrilla, « Melanomas non-invasive diagnosis application based on the ABCD rule and pattern recognition image processing algorithms », Computers in Biology and Medicine, vol. 41, no 9, p. 742-755, sept. 2011, doi: 10.1016/j.compbiomed.2011.06.010.

[60] N. Alfed et F. Khelifi, « Bagged textural and color features for melanoma skin cancer detection in dermoscopic and standard images », Expert Syst. Appl., vol. 90, no C, p. 101-110, déc. 2017, doi: 10.1016/j.eswa.2017.08.010.

[61] M. Kumar, M. Alshehri, R. AlGhamdi, P. Sharma, et V. Deep, « A DE-ANN Inspired Skin Cancer Detection Approach Using Fuzzy C-Means Clustering », Mob. Netw. Appl., vol. 25, no 4, p. 1319-1329, août 2020, doi: 10.1007/s11036-020-01550-2.

[62] N. C. F. Codella et al., « Deep learning ensembles for melanoma recognition in dermoscopy images », IBM J. Res. & Dev., vol. 61, no 4/5, p. 5:1-5:15, juill. 2017, doi: 10.1147/JRD.2017.2708299.

[63] Yu L, Chen H, Dou Q, Qin J, Heng PA. « Automated Melanoma Recognition in Dermoscopy Images via Very Deep Residual Networks. », IEEE Trans Med Imaging. 2017;36(4):994-1004. doi:10.1109/TMI.2016.2642839

[64] X. Shen, L. Wei, et S. Tang, « Dermoscopic Image Classification Method Using an Ensemble of Fine-Tuned Convolutional Neural Networks », Sensors, vol. 22, no 11, Art. no 11, janv. 2022, doi: 10.3390/s22114147.

[65] N. Z. Tajeddin et B. M. Asl, « Melanoma recognition in dermoscopy images using lesion's peripheral region information », Computer Methods and Programs in Biomedicine, vol. 163, p. 143-153, sept. 2018, doi: 10.1016/j.cmpb.2018.05.005.

[66] N. Moradi et N. Mahdavi-Amiri, « Kernel sparse representation based model for skin lesions segmentation and classification », Comput Methods Programs Biomed, vol. 182, p. 105038, déc. 2019, doi: 10.1016/j.cmpb.2019.105038.

[67] M. A. Al-Masni, D.-H. Kim, et T.-S. Kim, « Multiple skin lesions diagnostics via integrated deep convolutional networks for segmentation and classification », Comput Methods Programs Biomed, vol. 190, p. 105351, juill. 2020, doi: 10.1016/j.cmpb.2020.105351.

[68] M. F. Jojoa Acosta, L. Y. Caballero Tovar, M. B. Garcia-Zapirain, et W. S. Percybrooks, « Melanoma diagnosis using deep learning techniques on dermatoscopic images », BMC Medical Imaging, vol. 21, no 1, p. 6, janv. 2021, doi: 10.1186/s12880-020-00534-8.

[69] M. Q. Khan et al., « Classification of Melanoma and Nevus in Digital Images for Diagnosis of Skin Cancer », IEEE Access, vol. 7, p. 90132-90144, 2019, doi: 10.1109/ACCESS.2019.2926837.

[70] J.-A. Almaraz-Damian, V. Ponomaryov, S. Sadovnychiy, et H. Castillejos-Fernandez, « Melanoma and Nevus Skin Lesion Classification Using Handcraft and Deep Learning Feature Fusion via Mutual Information Measures », Entropy, vol. 22, no 4, Art. no 4, avr. 2020, doi: 10.3390/e22040484.

[71] Y. Filali, H. EL Khoukhi, M. A. Sabri, et A. Aarab, « Efficient fusion of handcrafted and pre-trained CNNs features to classify melanoma skin cancer », Multimed Tools Appl, vol. 79, no 41, p. 31219-31238, nov. 2020, doi: 10.1007/s11042-020-09637-4.

[72] J.C. Bezdek, R.Ehrlich, F.William « FCM: The Fuzzy C-Means Clustering Algorithm », U.S.A 1983.

[73] M.N. Ahmed, S.M. Yamany, N. Mohamed, A. Farag, T. Moriarty, « A modified fuzzy c-means algorithm for bias field estimation and segmentation of MRI data », IEEE Transactions on Medical Imaging, 21 (3) pp. 193-199, 2002.

[74] D.Q. Zhang, S.C. Chen, « Kernel-based fuzzy and possibilistic C-means clustering », Proceedings of the International Conference on Artificial Neural Networks (ICANN03), pp. 122-125, Istanbul, Turkey, 2003.

[75] D.-Q. Zhang, S.-C. Chen, « A novel kernelized fuzzy C-means algorithm with application in medical image segmentation », Artificial Intelligence in Medicine, 32, pp. 37-50, 2004.

[76] ZHANG XiaoFeng, ZHANG CaiMing, TANG WenJing & WEI ZhenWen, « Medical image segmentation using improved FCM », SCIENCE CHINA Information Sciences Vol. 55 No. 5: 1052–1061 doi: 10.1007/s11432-012-4556-0, mai 2012.

[77] A. Rezaei et F. Asadi, « Systematic review of image segmentation using complex networks ». arXiv, 5 janvier 2024. doi: 10.48550/arXiv.2401.02758.

[78] Y.Meyer «Oscillating patterns in image processing and in some nonlinear evolution equations», March 2001 .The fifteenth Dean Jacquelines B.lewis Memorial Lectures.

[79] S.J. Osher, A.Sole, and L.A. Vese. «Image decomposition and restoration using minimization and the H-1 norm Multiscale and simulation» SIAM Interdisciplinary Journal 1(3) 349-370 2003.

[80] M. Dorigo and T. Stützle, «Ant Colony Optimization», Cambridge: MIT Press, 2004.

[81] M. Dorigo. et L.M. Gambardella. « Ant Colony for The Traveling Salesman Problem». Biosystems, 43:73-81, 1997.

[82] D. Zhao, A. Qi, F. Yu, A. A. Heidari, H. Chen, et Y. Li, « Multi-strategy ant colony optimization for multi-level image segmentation: Case study of melanoma », Biomedical Signal Processing and Control, vol. 83, p. 104647, mai 2023, doi: 10.1016/j.bspc.2023.104647.

[83] C. BLUM «Ant Colony Optimization: Introduction and Recent Trends» Physics Of Life Reviews 2 353–373(2005).

[84] L. Gambardella. Et M.Dorigo. « Ant Q : A Reinforcement Learning Approach to the Traveling Salesman Problem». Proceedings of Ml-95, Twelfth International Conference on Machine Learning, Taho City, Ca, A. Prieditis Nd S. Russel 252-260. 1995.

[85] T. Stutzle. Et H. Hoos. « Max-Min Ant System and Local Search for Combinatorial Optimization Problems. Towards Adaptive Tools for Combinatorial Global Optimization». 2nd Meta Heuristic International Conference, Sophia-Antipolis, 1997.

[86] B.Bullnheimer, R.Hartl, Et C.Strauss. « A New Rank Based Version of the Ant System. a Computational Study». Working Paper 3 /97, Institute Of Management Science, University of Vienna. Austria. 1997.

[87] M.Dorigo.Et L.Gambardella. «Ant Colony System: a Cooperative Learning Approach to the Traveling Salesman Problem. ». IEEE Transactions On Evolutionary Computation 1,53-66,1997. »

[88] V. Maniezzo., A.Colorni. Et M. Dorigo «The Ant System Applied To The Quadratic Assignment Problem». Rapport Technique 94-28, Iridia, Universite Libre De Bruxelles, Belgium, 1994.

[89] L.Gambardella., M.Dorigo. Et E. Taillard.« Ant Colonies For The Qap». Rapport Technique 97-4, Idsia, Lugano, Switzerland, 1997.

[90] E.Taillard. «Fant: Fast Ant System». Technical Report Idsia-46-98, Idsia, Lugano, 1998.

[91] N. Monmarche. « Algorithmes De Fourmis Artificielles: Application A La Classification Et à L'optimisation ».Thèse De Doctorat De L'université De Tours, 2000.

[92] Xiao-Lin Wang et al. « Parallelized extreme learning machine ensemble based on min–max modular network». Neurocomputing 128, janvier 2013.

[93] D.-H. Han, X. Zhang, et G.-R. Wang, « Classifying Uncertain and Evolving Data Streams with Distributed Extreme Learning Machine », jcst, vol. 30, no 4, p. 874-887, juill. 2015, doi: 10.1007/s11390-015-1566-6.

[94] L. Breiman, « Bagging Predictors », Machine Learning, vol. 24, no 2, p. 123-140, 1996, doi: 10.1023/A:1018054314350.

[95] Y. Freund and R. E. Schapire, « Experiments with a New Boosting Algorithm ».

[96] T. Chen and C. Guestrin, « XGBoost: A Scalable Tree Boosting System », Proceedings of the 22nd ACM SIGKDD International Conference on Knowledge Discovery and Data Mining, p. 785-794, août 2016, doi: 10.1145/2939672.2939785.

[97] J. H. Friedman, « Greedy function approximation: A gradient boosting machine. », Ann. Statist., vol. 29, no 5, oct. 2001, doi: 10.1214/aos/1013203451.

[98] G. Ke et al., « LightGBM: A Highly Efficient Gradient Boosting Decision Tree », dans Advances in Neural Information Processing Systems, Curran Associates, Inc., 2017.

[99] A. V. Dorogush, V. Ershov, and A. Gulin, « CatBoost: gradient boosting with categorical features support ». arXiv, 24 octobre 2018. doi: 10.48550/arXiv.1810.11363.

[100] D. H. Wolpert, « Stacked generalization », Neural Networks, vol. 5, no 2, p. 241-259, janv. 1992, doi: 10.1016/S0893-6080(05)80023-1.

[101] J. Cao, Z. Lin, G.-B. Huang, and N. Liu, « Voting based extreme learning machine », Information Sciences, vol. 185, no 1, p. 66-77, févr. 2012, doi: 10.1016/j.ins.2011.09.015.

[102] R. Yu, Y. Li, C. Shahabi, U. Demiryurek, and Y. Liu, « Deep Learning: A Generic Approach for Extreme Condition Traffic Forecasting », 2017, p. 777-785. doi: 10.1137/1.9781611974973.87.

[103] T. Mendonc¸, P.M. Ferreira J. S. Marques A.R. S. Marcal J.Rozeira «PH2 - A dermoscopic image database for research and benchmarking », 35th Annual International Conference of the IEEE EMBS Osaka, Japan, 3 - 7 July, 2013.

[104] M. E. Celebi, G. Schaefer, and H. Iyatomi, «Objective evaluation of methods for border detection in Dermoscopy images», in Proceedings of the 30th Annual International Conference of the IEEE Engineering in Medicine and Biology Society (EMBS'08), pp. 3056–3059, Vancouver, Canada, August 2008.

[105] http://www.dermoscopyatlas.com .

[106] Q. Abbas, M. E. Celebi, et I. F. García, « Hair removal methods: A comparative study for dermoscopy images », Biomedical Signal Processing and Control, vol. 6, no 4, p. 395-404, oct. 2011, doi: 10.1016/j.bspc.2011.01.003.

[107] T. K. Lee, V. Ng, R. Gallagher, A. Coldman, and D. McLean, «DullRazor: A Software Approach to Hair Removal from Images», Computers in Biology and Medicine, vol. 27, no. 6, pp. 533–543, 1997.

[108] K., Sharafat et all. «An improved dullrazor for digitally removing dark and light-colored hairs in dermoscopic images». Comput. Biol. Med. 41(3), 139–145 (2011).

[109] Nguyena NH, Lee TK, Atkins MS. «Segmentation of Light and Dark Hair in Dermoscopic Images: A Hybrid Approach Using a Universal Kernel». Proceedings of the SPIE-Medical imaging 2010; 7623: 76234N-2.

[110] A. Criminisi, P. Perez and K. Toyama, «Region filling and object removal by exemplar-based image inpainting, » in IEEE Transactions on Image Processing, vol. 13, no. 9, pp. 1200-1212, Sept. 2004, doi: 10.1109/TIP.2004.833105.

[111] Johr RH. «Dermoscopy: alternative melanocytic algorithms - The ABCD rule of dermatoscopy, Menzies scoring method, and 7-point checklist», Clin Dermatol 2002; 20(3):240-7.

[112] R. M. Haralick, K. Shanmugam, et I. Dinstein, « Textural Features for Image Classification », IEEE Transactions on Systems, Man, and Cybernetics, vol. SMC-3, no 6, p. 610-621, nov. 1973, doi: 10.1109/TSMC.1973.4309314.

[113] C. Calvin, E.Herbert. «Texture descriptors based on co-occurrence matrices». Computer Vision, Graphics, and Image Processing, 51(1):7086, juillet 1990.

[114] A. Ennaji, H. EL Khoukhi, M. A. Sabri, et A. Aarab, « Malignant melanoma detection using multi-scale image decomposition and a new ensemble-learning scheme », Multimed Tools Appl, juill. 2023, doi: 10.1007/s11042-023-16391-w.

[115] N. Otsu, « A Threshold Selection Method from Gray-Level Histograms ». in IEEE Transactions on Systems, Man, and Cybernetics, vol. 9, no. 1, pp. 62-66, Jan. 1979, doi: 10.1109/TSMC.1979.4310076

[116] A. Ennaji, A. Aarab, G. Khaissidi, « Color Image Decomposition and Fuzzy Clustering for Dermoscopic Image Segmentation », International Review on Computers and Software, 2014.

[117] Y. Filali, H. EL Khoukhi, M. A. Sabri, and A. Aarab, « Efficient fusion of handcrafted and pre-trained CNNs features to classify melanoma skin cancer », Multimed Tools Appl, vol. 79, no 41, p. 31219-31238, nov. 2020, doi: 10.1007/s11042-020-09637-4.

Liste des Publications

- A. Ennaji, H. EL Khoukhi, M. A. Sabri, and A. Aarab, "Malignant melanoma detection using multi-scale image decomposition and a new ensemble-learning scheme," Multimedia Tools and Applications, pp. 1-16, 2023. Available: Springer.
- A. Ennaji, M. A. Sabri, and A. Aarab, "Automated recognition of malignant melanoma in dermoscopic images," International Journal of Imaging & Robotics, vol. 18, no. 4, pp. 1-4, Aug. 2018.
- A. Ennaji and A. Aarab, "Ant Colony Optimization Algorithm for Lesion Border Detection in Dermoscopic Images," Discontinuity, Nonlinearity, and Complexity Journal, Sept. 2017.
- A. Ennaji, A. Aarab, and G. Khaissidi, "Color Image Decomposition and Fuzzy Clustering for Dermoscopic Image Segmentation," International Review on Computers and Software (IRECOS), vol. 9, no. 11, pp. 1861-1866, Nov. 30, 2014.

Actes de Conférences

1. A. Rahmouni, A. Ennaji, M. A. Sabri, and A. Aarab, "Skin lesion classification based on Vision Transformer (VIT)," in Proceedings of the 5th International Conference on Artificial Intelligence and Smart Environments, Errachidia, Morocco, Nov. 2023.
2. A. Ennaji and A. Aarab, "Ant Colony Optimization Algorithm for Lesion Border Detection in Dermoscopic Images," in Proceedings of the 4th International Conference on Complex Dynamical Systems in Life Sciences: Modeling and Analysis (4thICCDS'2016), Agadir, Morocco, Oct. 26, 2016.
3. A. Ennaji and A. Aarab, "La segmentation des images dermoscopiques à base des Équations aux Dérivées Partielles et la classification par C_Moyenne floue," in Proceedings of the Fifth Workshop on Information Technologies and Communication, Fès, Morocco, Dec. 2013.
4. A. Ennaji and A. Aarab, "La classification par la logique floue, application à la segmentation des images médicales," in Journée des doctorants du CED-ST, Fès, Morocco, 2013.

Résumé

Le mélanome, le type de cancer de la peau le plus mortel, pose un défi majeur en raison de son potentiel de métastase rapide, menaçant sérieusement la vie des patients. La détection précoce est cruciale pour améliorer les chances de survie. Malgré les avancées dans les technologies de détection, comme la dérmoscopie, le diagnostic précis des lésions cutanées pigmentées demeure complexe, même pour les dermatologues chevronnés. Afin de soutenir la prise de décision clinique, nous avons développé des systèmes d'aide au diagnostic (CADs) pour le mélanome, offrant ainsi un second avis diagnostique crucial. Cette thèse apporte des avancées notables dans l'élaboration de CADs pour le mélanome, en se concentrant sur l'analyse et la classification des images dermoscopiques. Nous employons des méthodes avancées de traitement d'images et des algorithmes de classification basés sur l'apprentissage automatique, notamment les techniques ensemblistes, pour améliorer la précision du diagnostic. Un point central de notre recherche est la segmentation précise des lésions, essentielle pour un diagnostic automatique efficace. Nous présentons deux innovations dans ce domaine : l'utilisation de l'algorithme de C-Moyens Flous combiné à une décomposition multi-échelle pour la première, et l'application de l'algorithme des colonies de fourmis pour la seconde. De plus, nous proposons deux modèles de détection du mélanome. Le premier combine la méthode clinique ABCD et la matrice de co-occurrence pour l'extraction de caractéristiques, utilisant l'algorithme KSVM pour la classification. Le second modèle utilise l'apprentissage ensembliste avec des techniques de vote majoritaire et pondéré. Ces modèles ont été évalués à l'aide de données provenant du centre hospitalier universitaire Hassan II de Fès, ainsi que des bases de données d'images Brodatz, PH2, et ISIC 2017, démontrant l'efficacité de nos approches. Les résultats obtenus mettent en lumière la performance de la décomposition multi-échelle dans la segmentation et soulignent l'importance de l'apprentissage automatique, en particulier l'approche de vote pondéré, dans la classification. Notre modèle basé sur le vote pondéré atteint une précision de 99 prouvant son efficacité dans le diagnostic précis du mélanome. En dépit des avancées, l'adoption généralisée de ces systèmes reste soumise à des défis, notamment en termes d'intégration systémique et de validation clinique à plus large échelle.

Mots clés :

Aide au Diagnostic, Lésions cutanées, Segmentation, Décomposition multi-échelle, Méta-Heuristiques, Classification, Apprentissage Ensembliste, PH2, ISIC.