

الجمهورية الجزائرية الديمقراطية الشعبية
REPUBLIQUE ALGERIENNE DEMOCRATIQUE ET POPULAIRE

وزارة التعليم العالي والبحث العلمي
Ministère de l'Enseignement Supérieur et de la Recherche Scientifique

جامعة أبو بكر بلكايد - تلمسان

Université Aboubakr Belkaïd – Tlemcen –
Faculté de TECHNOLOGIE



MEMOIRE

Présenté pour l'obtention du **diplôme** de **MASTER**

En : Génie Biomédical

Spécialité : Informatique Biomédicale et

Hospitalière

Par : Mme ARRAS Nour El Houda

**Développement d'un modèle d'intelligence artificielle pour
la détection précoce des nodules pulmonaires cancéreux**

Soutenu publiquement, le 11 / 06 / 2026 ,devant le jury composé de :

Mme Souad Hamza Cherif

MCA

Université de Tlemcen

Présidente

Mr Tariq TALEB

MCB

Université de Tlemcen

Examineur

Mme Lamia Fatiha KAZI TANI

MCA

Université de Tlemcen

Encadrante

Année universitaire : 2025/2026

Dédicaces

Ce travail est dédié :

À mes parents, pour leur soutien indéfectible, leurs sacrifices et leur amour qui m'ont permis de devenir la personne que je suis aujourd'hui. Ce diplôme est autant le vôtre que le mien.

À mon frère et ma sœur, pour leur présence et leurs encouragements.

À la mémoire de mon cher grand-père, parti trop tôt à cause de ce combat contre le cancer du poumon. Ton souvenir est ma force, et c'est à travers ce travail de recherche que je continue ton combat. Je sais que tu veilles sur moi.

À ma grand-mère Zohra, j'aurais tant voulu que tu sois là aujourd'hui pour partager cette fierté. J'espère que, de là où tu es, tu es fière de moi.

À ma grand-mère Badia, pour son sourire qui m'illumine et ses prières qui m'accompagnent chaque jour.

À la mémoire de mon grand-père Bachir, que je n'ai pas eu l'honneur de connaître, mais dont le nom et le souvenir sont présents en ce jour.

À moi-même, pour la persévérance, les nuits de travail et la détermination face aux défis de ce parcours.

Remerciements

Avant tout, je remercie Dieu de m'avoir accordé la force, la patience et la volonté nécessaires pour mener à bien ce modeste travail.

Je tiens à exprimer ma profonde et sincère gratitude à mon encadrante, Mme. Kazi Tani Lamia Fatiha pour avoir accepté de diriger ce travail. Je la remercie pour sa confiance, sa disponibilité constante et la qualité de ses conseils techniques qui ont été essentiels à la réalisation de ce projet de recherche sur le cancer du poumon.

Mes remerciements s'adressent également à l'ensemble de mes professeurs du Master en Informatique Biomédicale pour la richesse de l'enseignement reçu et leur dévouement tout au long de mon cursus universitaire.

Je remercie les membres du jury pour l'honneur qu'ils me font en acceptant d'évaluer ce travail et d'y apporter leur expertise.

Table des matières

Dédicaces	1
Remerciements	2
Introduction générale	8
1 Étude théorique sur le cancer des poumons	10
1.1 Introduction	10
1.2 Symptômes du cancer du poumon	11
1.2.1 Symptômes liés à la tumeur pulmonaire (signes respiratoires directs)	11
1.2.2 Symptômes liés à l'extension loco-régionale	11
1.2.3 Symptômes liés à l'extension métastatique	12
1.2.4 Symptômes liés aux syndromes paranéoplasiques	12
1.3 Épidémiologie	12
1.3.1 En Algérie	12
1.3.2 En France	13
1.3.3 Dans le monde	14
1.4 Dépistage	15
1.4.1 Nodules pulmonaires	16
1.4.2 L'importance du dépistage des nodules pulmonaires	16
1.4.3 Processus de dépistage	16
1.5 Anatomie et physiologie du poumon	16
1.5.1 La structure des poumons	17
1.5.2 Le rôle de la respiration et des échanges gazeux	19
1.5.3 Comment une tumeur perturbe ces fonctions	19
1.6 Cancer des poumons	20
1.6.1 La cancérogenèse	20
1.6.2 Les types du cancer de poumon	20
1.6.3 Facteur du risque	23
1.6.4 Stades de la maladie	24
1.6.5 Physiopathologie	25
1.6.6 Diagnostic et évaluation de cancer du poumon	26
1.6.7 Traitement et soins	26
1.6.8 Prévention	27
1.6.9 Évolution du cancer de poumon	28
1.6.10 Les enjeux de la recherche sur le cancer de poumon	28
1.7 Conclusion	28

2	État de l'art	30
2.1	Intelligence Artificielle	30
2.1.1	Les principaux domaines de l'IA	30
2.1.2	Apprentissage automatique (Machine Learning)	30
2.1.3	Apprentissage profond (Deep Learning)	34
2.1.4	Réseaux de neurones convolutifs (CNN)	35
2.1.5	Applications de l'IA dans le domaine médical	37
2.2	L'imagerie médicale	38
2.2.1	Définition et rôle de l'imagerie médicale	38
2.2.2	Types d'imagerie utilisée pour le cancer du poumon	38
2.2.3	Caractéristiques des images médicales	39
2.2.4	Prétraitement des images pour l'IA	39
2.3	Méthodes classiques de Machine Learning dans le diagnostic du cancer du poumon	40
2.3.1	Discussion	41
2.3.2	Limites des méthodes classiques	42
2.4	Méthodes d'IA appliquées à la détection du cancer du poumon	42
2.4.1	Réseaux de neurones convolutifs 2D (CNN 2D)	42
2.4.2	Discussion	44
2.4.3	Réseaux de neurones convolutifs 3D (CNN 3D)	44
2.4.4	Discussion	45
2.4.5	Modèles hybrides et architectures récentes	46
2.4.6	Discussion	47
2.4.7	Les Transformers et ViT	47
2.4.8	Discussion	50
2.5	Évaluation des performances des modèles	51
2.5.1	Méthodes de validation	52
2.6	Limites et perspectives	52
2.6.1	Limites des méthodes actuelles	52
2.6.2	Défis et problématiques à résoudre	52
2.7	Conclusion	53
3	Méthodologie et modèle proposé	54
3.1	Introduction	54
3.2	Analyse du problème	54
3.2.1	Problématique	54
3.2.2	Contraintes médicales	55
3.2.3	Contraintes techniques	55
3.2.4	Objectifs fonctionnels	56
3.2.5	Objectifs non fonctionnels	56
3.3	Présentation des bases de données utilisée	57
3.3.1	RadGenome-Chest CT	57
3.3.2	Luna 16	59
3.4	Prétraitement des données	59
3.4.1	Pré-traitement Spatial	60
3.4.2	Pré-traitement Radiologique	60
3.4.3	Pré-traitement Dynamique (data augmentation)	61
3.4.4	Pré-traitement de Gestion	61

3.5	Architecture du système proposé	61
3.5.1	Vue globale de l'architecture	61
3.5.2	Le modèle intelligent proposé	62
3.5.3	Fonction de perte	66
3.5.4	Optimisation et régularisation	67
3.6	Méthode d'apprentissage et de validation	68
3.6.1	Séparation des données	68
3.6.2	Métriques d'évaluation	69
3.7	Environnement matériel et logiciel	69
3.8	Conclusion	70
4	Résultats et Analyse	71
4.1	Introduction	71
4.2	Matériel et Méthodes	71
4.2.1	Environnement de développement	71
4.2.2	Jeu de données	72
4.2.3	Synthèse et Équilibrage final du Dataset	73
4.2.4	Division train / validation	73
4.2.5	Class Weighting	74
4.2.6	Implémentation du pipeline de transformation des données	75
4.2.7	Protocole d'entraînement	77
4.3	Résultats	78
4.3.1	Analyse du rapport de classification	79
4.3.2	Analyse de la Matrice de Confusion	80
4.3.3	Analyse des courbes (Performance quantitative)	80
4.4	Discussions	84
4.4.1	Analyse de la méthodologie et du pipeline de données	84
4.4.2	Évaluation de l'architecture hybride	85
4.4.3	Interprétation des performances cliniques	85
4.4.4	Explicabilité (Performance qualitative)	85
4.4.5	Analyse critique et limites	88
4.4.6	Perspectives et améliorations	89
4.5	Conclusion	89
	Conclusion générale	91

Table des figures

1.1	L'appareil respiratoire (Département Prévention Cancer Environnement, 2025)	10
1.2	Nombre de nouveaux cas et décès dus au cancer en Algérie en 2022. Adapté de GLOBOCAN 2022 : Algeria fact sheet (International Agency for Research on Cancer, 2024)	13
1.3	Les chiffres clés du cancer du poumon (Centre Léon Bérard, s.d)	14
1.4	Nombre de nouveaux cas et de morts de cancer de poumon dans le monde en 2018 (Benkimoun, 2018)	15
1.5	Aperçu des poumons in situ (vue antérieure)	17
1.6	Aperçu de la vue latérale des poumons	18
1.7	Facteurs de risques	23
1.8	Progression du cancer du poumon selon le type	25
3.1	Pipeline d'analyse des images CT thoraciques par Deep Learning pour la détection des nodules	62
3.2	Architecture des blocs de base de MobileNetV2	64
3.3	Exemple d'une carte de chaleur (avec Occlusion Sensitivity)	65
3.4	Architecture hybride 2.5D pour la détection des nodules pulmonaire cancéreux	66
4.1	Protocole de division du dataset et stratégie de préparation des données . .	74
4.2	Implémentation du Class Weighting	75
4.3	Architecture détaillée et résumé des paramètres du modèle hybride (MobileNetV2 + Multi-Head Attention)	78
4.4	Rapport de classification	79
4.5	La matrice de confusion	80
4.6	La courbe AUC pour le train et la validation	81
4.7	La courbe Loss pour le train et la validation	81
4.8	La courbe ROC	82
4.9	La courbe FROC	83
4.10	La courbe Précision-Rappel (PR Curve)	84
4.11	Visualisation de l'explicabilité par carte d'activation sur une coupe de scanner pulmonaire	86
4.12	Carte d'activation sur un cas sain (faux positif)	87
4.13	Comparaison de l'explicabilité par cartes d'activation (Heatmaps) entre une coupe pulmonaire saine et une coupe présentant un nodule détecté . .	88

Liste des tableaux

1.1	Facteurs de risque du cancer du poumon	24
2.1	Les méthodes de Machine Learning appliquées au diagnostic du cancer du poumon	40
4.1	Répartition des patches 2.5D dans le dataset final	73

Abstract

Lung cancer is the leading cause of cancer-related mortality worldwide and a major public health concern in Algeria, typically characterized by a silent progression that leads to late-stage diagnosis. This research work presents the design, implementation, and rigorous evaluation of an innovative artificial intelligence system dedicated to the automated and early detection of pulmonary nodules from chest computed tomography (CT) scans, combining technological expertise with clinical analysis.

The proposed methodology is based on a semi-3D (2.5D) hybrid architecture executed within the Kaggle Cloud environment using Python 3.12 (TensorFlow, Keras, SimpleITK). The network couples local feature extraction via a *MobileNetV2* backbone (leveraging partial fine-tuning on the last 20 layers) with global contextual modeling through a 4-head *Multi-Head Attention* mechanism. The model was trained on a merged and standardized dataset consisting of 3,645 isotropic patches (1 mm³) from the benchmark LUNA16 and RadGenome-CT datasets, cleaned using standard deviation analysis and normalized (clipping from -1000 to 400 HU). To mitigate the substantial class imbalance (2,729 healthy vs. 916 nodules), a strict cost-sensitive *Class Weighting* strategy and an on-the-fly data augmentation pipeline were successfully deployed.

Experimental evaluation on a 20% stratified validation set demonstrates the system's robustness and high discriminative capabilities. The model achieved an outstanding Area Under the ROC Curve (**AUC**) of **0.96** and an Average Precision (**AP**) of **0.90** on the Precision-Recall curve. Detailed classification metrics reveal excellent clinical sensitivity, yielding a recall of **87%** for the nodule class (160 true positives and only 23 false negatives), thereby drastically reducing the risk of diagnostic omissions. Specificity is highlighted by a **91%** recall and a **96%** precision for the healthy class (496 true negatives). FROC curve analysis confirms a sharp early ascent, reaching a 0.90 sensitivity with a very low number of false positives per scan. Furthermore, the black-box model's clinical explainability was ensured via occlusion sensitivity activation maps (*heatmaps*), visually validating that the network focuses strictly on the intended pathological structures. This system stands out as a highly reliable and powerful computer-aided pre-diagnosis tool capable of supporting radiologists in clinical workflows.

Keywords: Lung cancer, Pulmonary nodules, Artificial Intelligence, Hybrid architecture, MobileNetV2, Multi-Head Attention, 2.5D CT Imaging, Class Weighting, Explainability

ملخص

يمثل سرطان الرئة السبب الأول للوفيات المرتبطة بالسرطان في العالم، ويشكل مصدر قلق كبير للصحة العمومية في الجزائر، نظراً لتطوره الصامت الذي يؤدي غالباً إلى تشخيص متأخر. يقدم هذا العمل البحثي تصميم، وتنفيذ، وتقييم نظام مبتكر للذكاء الاصطناعي مخصص للكشف التلقائي والمبكر عن العقد الرئوية انطلاقاً من التصوير المقطعي المحوسب للصدر، وذلك من خلال دمج الخبرة التكنولوجية مع التحليل السريري.

تعتمد المنهجية المقترحة على تطوير بنية هجينة شبه ثلاثية الأبعاد تم تنفيذها في بيئة السحابة الحوسبية تفاعلية باستخدام لغة بايثون ومكتبات التعلم العميق ومعالجة الصور الطبية. يجمع هذا النموذج بين استخراج الميزات المحلية بواسطة شبكة عصبونية تلافيفية خفيفة الوزن (مع ضبط دقيق جزئي لأخر عشرين طبقة منها) ونمذجة السياق العالمي بواسطة آلية الانتباه متعدد الرؤوس المكونة من أربعة رؤوس. تم تدريب النموذج على مجموعة بيانات مدمجة وموحدة تحتوي على ثلاثة آلاف وستمئة وخمس وأربعين رقعة متاحة الأبعاد، مستخرجة من قواعد البيانات المرجعية العالمية، والتي خضعت للتنظيف بواسطة تحليل الانحراف المعياري ومعايرة التباين النسيجي (تقليص الكثافة الإشعاعية من ناقص ألف إلى أربعمئة وحدة هونسفيلد). ولمعالجة الخلل الكبير في توازن الفئات (ألفان وسبعمئة وتسع وعشرون عينة سليمة مقابل تسعمئة وست عشرة عقدة)، تم تطبيق استراتيجية صارمة لوزن الفئات. بالإضافة إلى توليد البيانات ديناميكياً أثناء التدريب لمنع الإفراط في التعلم.

أظهر التقييم التجريبي على مجموعة التحقق المستقلة قوة النظام وقدرته العالية على التمييز؛ حيث حقق النموذج مساهمة ممتازة تحت على منحنى الدقة والاستدعاء. كما كشف التحليل الدقيق **0.90**، ومتوسط دقة قدره **0.96** منحنى خصائص التشغيل المستقل بلغت لفئة العقد الرئوية (مائة وستون حالة إيجابية حقيقية وثلاث وعشرون حالة **87%** عن حساسية سريرية ممتازة مع معدل استدعاء بلغ **91%** سلبيية خاطئة فقط)، مما يقلل بشكل كبير من مخاطر إغفال التشخيص. وتجلت الخصوصية في تحقيق معدل استدعاء بنسبة للفئة السليمة (أربعمئة وست وتسعون حالة سلبية حقيقية). وأكد تحليل منحنيات الاستجابة الحرة صعوداً سريعاً **96%** ودقة بلغت وحاداً للنموذج ليصل إلى حساسية تسعين بالمائة مع عدد منخفض جداً من الإيجابيات الخاطئة لكل فحص مقطعي. وأخيراً، تم تعزيز قابلية التفسير السريري للنموذج من خلال توليد خرائط التنشيط الحرارية بحساسية الحجب، مما أكد بصرياً تركيز انتباه النموذج بدقة على الهياكل التشريحية المصابة وليس على الشوائب الناتجة عن التصوير. وبذلك، يبرز هذا النظام كأداة مساعدة قوية وموثوقة للعناية لأطباء الأشعة في مرحلة الفرز والتشخيص المبكر.

سرطان الرئة، العقد الرئوية، الذكاء الاصطناعي، البنية الهجينة، الانتباه متعدد الرؤوس، التصوير المقطعي شبه: **الكلمات المفتاحية** ثلاثي الأبعاد، وزن الفئات، قابلية التفسير

Introduction générale

Le cancer du poumon présente aujourd’hui la première cause de mortalité par cancer dans le monde et le cancer le plus fréquent chez l’homme. Cette pathologie est caractérisée par une évolution silencieuse, ce qui conduit dans la majorité des cas à un diagnostic tardif, lorsque les possibilités thérapeutiques sont limitées.

En Algérie, le cancer du poumon occupe la première place des cancers les plus fréquents chez le sexe masculin représentant environ 14,7 % des cancers, et 5 % chez le sexe féminin, avec 7,8 % des nouveaux cas tous sexes confondus, occupant la troisième position parmi tous les cancers avec 35 778 décès enregistrés en 2022 selon les données du Globocan (Organisation mondiale de la Santé [OMS], 2022) pour l’Algérie.

La compréhension du cancer du poumon requiert une connaissance approfondie de l’anatomie et de la physiologie pulmonaires, il résulte de mutations génétiques et de modifications cellulaires qui échappent aux mécanismes de régulation de la prolifération. L’identification de ces mutations a permis le développement de thérapies ciblées et d’immunothérapies innovantes, offrant de nouvelles perspectives thérapeutiques. Cependant, le diagnostic précoce reste le facteur déterminant pour améliorer le pronostic, et repose sur la détection systématique des nodules pulmonaires par imagerie médicale.

L’ensemble de ces éléments théoriques constitue le besoin scientifique pour le développement de systèmes d’intelligence artificielle dédiés à la détection précoce des nodules pulmonaires.

L’objectif est de présenter les bases théoriques relatives au cancer du poumon, incluant son anatomie, sa physiopathologie, ses types histologiques, ses facteurs de risque et les méthodes de dépistage, afin de fournir un socle scientifique solide pour le développement d’un système d’intelligence artificielle dédié à la détection précoce des nodules pulmonaires.

Pour cela, ce mémoire est structuré autour des axes suivants :

- **Chapitre 01 : étude théorique sur le cancer des poumons**, nous abordons la structure anatomique des poumons et les mécanismes physiologiques normaux, le cancer de poumons et ses types, les symptômes, et les facteurs de risques.
- **Chapitre 02 : état de l’art** Ce chapitre détaillera quelques notions clés de l’intelligence artificielle et l’imagerie médicale notamment le scanner thoracique, nous discuterons les travaux de recherche existants, en analysant les méthodes classiques et les avancées récentes de l’intelligence artificielle dans ce domaine.
- **Chapitre 03 : méthodologie et modèle proposé**, il est dédié à la méthodologie.

logie de conception de notre système. Il détaille la stratégie d’implémentation, incluant la préparation et le prétraitement des données issues des bases RadGenome et LUNA16, ainsi que l’architecture hybride innovante, basée sur un modèle CNN-Transformer 2.5D, retenue pour la détection automatique des nodules.

- **Chapitre 04 : résultats et analyse**, dans chapitre nous présentons et analysons les résultats expérimentaux obtenus. À travers une évaluation rigoureuse basée sur des métriques de performance cliniques et techniques, nous discuterons de la fiabilité du système, de sa capacité de généralisation et de son apport concret en tant qu’outil d’aide au diagnostic radiologique, tout en ouvrant la réflexion sur les perspectives d’amélioration future.

Chapitre 1

Étude théorique sur le cancer des poumons

1.1 Introduction

Les poumons sont des organes du système respiratoire situés dans la cavité thoracique. Leur rôle principal est d'assurer les échanges gazeux entre l'air ambiant et le sang.

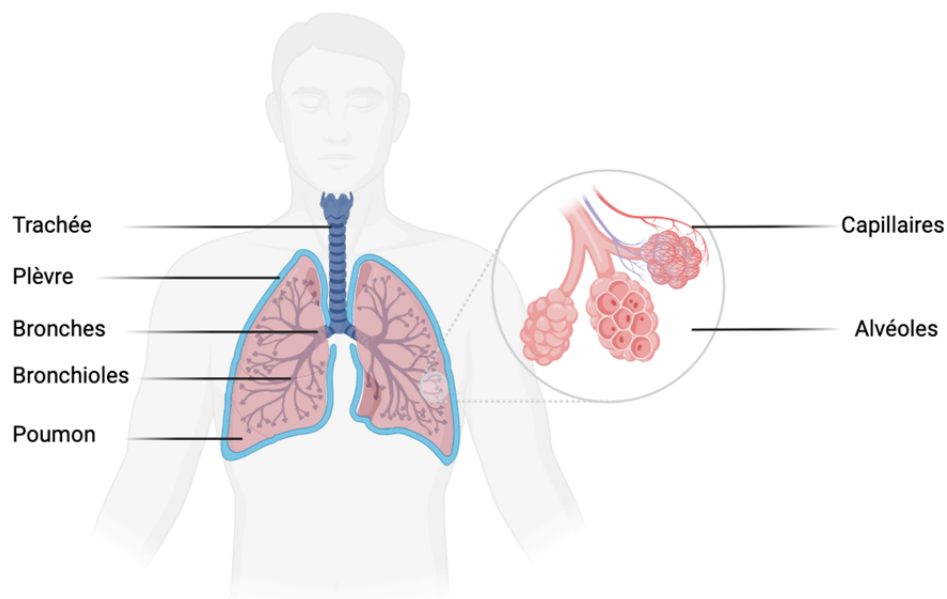


FIGURE 1.1 – L'appareil respiratoire (Département Prévention Cancer Environnement, 2025)

L'inspiration a pour but d'apporter l'oxygène à l'ensemble des cellules du corps, nécessaire à leur bon fonctionnement. L'air inspiré par le nez et la bouche est transmis par la trachée, les bronches puis bronchioles jusqu'aux alvéoles situées dans les poumons. L'oxygène inspiré traverse la paroi des alvéoles et passe dans la circulation sanguine, se fixe aux globules rouges, qui le transportent jusqu'aux différentes cellules de l'organisme.

A l'inverse, l'expiration permet l'excrétion du gaz carbonique rejeté par l'ensemble des cellules du corps dans la circulation sanguine jusqu'aux alvéoles des poumons, dont il traverse la barrière pour être rejeté dans l'air.

Le cancer du poumon, appelé aussi cancer broncho-pulmonaire ou cancer bronchique se caractérise par une multiplication anarchique de cellules anormales dans le tissu pulmonaire, notamment au niveau des bronches et plus rarement au niveau des cellules des alvéoles, pour former une tumeur.

Il existe 2 types principaux :

- Les cancers bronchiques à petites cellules (CBPC) : qui représentent 15 % des cancers pulmonaires.
- Les cancers bronchiques non à petites cellules (CBNPC) : qui représentent 85-90 % des cancers pulmonaires. Les 3 types de CBNPC sont les adénocarcinomes, les carcinomes épidermoïdes et les carcinomes indifférenciés (Cancer Environnement, s.d)

1.2 Symptômes du cancer du poumon

Selon la localisation et la propagation de la tumeur, nous pouvons classer les symptômes en trois classes majeures :

1.2.1 Symptômes liés à la tumeur pulmonaire (signes respiratoires directs)

Cela concerne les signes locaux et reflète une atteinte des voies respiratoires, la tumeur obstrue une bronche, gêne la respiration et irrite les muqueuses. Par conséquent :

- Une toux chronique présente chez environ 45 % des patients, elle se caractérise par une modification du caractère habituel de la toux normal.
- Une hémoptysie (crachat de sang) dans environ 30 % des cas.
- Une dyspnée (difficulté à respirer), souvent accompagnée de sifflements.
- Des douleurs thoraciques dans 25 % des cas.

1.2.2 Symptômes liés à l'extension loco-régionale

Cela concerne la propagation intrathoracique de la tumeur, à un envahissement local des nerfs cervico-thoraciques ou l'extension dans les ganglions lymphatiques engendrant une adénopathie. Par conséquent :

- Un syndrome cave supérieur du a la compression de la veine cave supérieure par la masse tumorale, elle se présente en gonflement du cou et du visage, œdème des paupières le matin, veines apparentes sur le thorax.
- Une compression de l'œsophage qui peut causer une difficulté à avaler (dysphagie).
- L'atteinte du nerf phrénique qui peut donner un hoquet persistant.
- L'atteinte du nerf laryngé qui effectue des modifications de la voix (dysphonie).

- Un syndrome de Pancoast-Tobias peut survenir lorsque la tumeur est située au sommet du poumon (apex). La tumeur peut envahir les nerfs du bras, provoquant des douleurs à l'épaule irradiant jusqu'à la main. Elle peut également entraîner le syndrome de Claude-Bernard-Horner (chute de la paupière, pupille rétrécie, œil enfoncé), ainsi qu'un épanchement pleural ou péricardique, pouvant causer une insuffisance cardiaque ou une arythmie.

1.2.3 Symptômes liés à l'extension métastatique

À un stade avancé de la maladie, la tumeur se propage à distance et touche d'autres organes, provoquant des métastases osseuses, principalement au niveau des côtes, des vertèbres et des os du bassin, donnant lieu à des douleurs osseuses. Des métastases hépatiques peuvent causer des douleurs abdominales, souvent sous les côtes à droite. Les métastases cérébrales, initialement silencieuses, peuvent ensuite provoquer des céphalées, des nausées, des vomissements, des crises d'épilepsie et des troubles de la conscience. Des métastases surrénales, spécifiques de ce type de cancer, peuvent également conduire à une insuffisance rénale.

1.2.4 Symptômes liés aux syndromes paranéoplasiques

Cela concerne les symptômes qui ne sont ni attribués à l'invasion directe, ni aux métastases, ils ne sont pas directement dus à la tumeur mais à des substances sécrétées par le cancer comme les anticorps anormaux, nous retrouvons :

- Les troubles endocriniens : sécrétion excessive d'ADH qui peut provoquer une baisse du sodium dans le sang (hyponatrémie).
- Une Production anormale de cortisol ce qu'on appelle le syndrome de Cushing paranéoplasique.
- Les troubles neurologiques : encéphalopathie, neuropathies.
- Les troubles hématologiques : tendance accrue à la formation de caillots (Gaiffe, 2018)

1.3 Épidémiologie

1.3.1 En Algérie

D'après une étude qui a été menée à l'Hôpital universitaire militaire régional d'Oran (HMRUO) portant sur 115 dossiers de patients atteints d'un cancer du poumon entre le 1er janvier 2019 et le 30 décembre 2020. Une approche standardisée est nécessaire pour évaluer les pourcentages de patients touchés par cette maladie.

Les résultats ont montré une prédominance masculine du cancer du poumon, avec 84 % des cas chez le sexe masculin. En revanche, l'incidence chez le sexe féminin n'était que de 16 %, ces dernières vivant dans un environnement exposé au tabagisme passif.

Ce cancer comprend plusieurs types histologiques : les carcinomes non à petites cellules incluent l'adénocarcinome (ADC, 61 %), le carcinome épidermoïde (SCC, 11 %) et le carcinome non à petites cellules non spécifié (NSCLC NOS, 12 %), et le carcinome à

petites cellules (SCC, 11 %). Le diagnostic repose sur des panels spécifiques utilisant des techniques immunohistochimiques (Zouaouia et al., 2025)

	Males	Females	Both sexes
Population	22 912 687	22 437 454	45 350 141
Incidence*			
Number of new cancer cases	29 387	35 326	64 713
Age-standardized incidence rate	130.6	152.2	141.2
Risk of developing cancer before the age of 75 years (cum. risk %)	14.1	15.1	14.6
Top 3 leading cancers (ranked by cases)**	Lung Colorectum Prostate	Breast Colorectum Thyroid	Breast Colorectum Lung
Mortality*			
Number of cancer deaths	18 809	16 969	35 778
Age-standardized mortality rate	82.7	73.1	77.7
Risk of dying from cancer before the age of 75 years (cum. risk %)	8.7	7.8	8.2
Top 3 leading cancers (ranked by deaths)**	Lung Colorectum Bladder	Breast Colorectum Cervix uteri	Breast Lung Colorectum
Prevalence*			
5-year prevalent cases	72 408	105 310	177 718

FIGURE 1.2 – Nombre de nouveaux cas et décès dus au cancer en Algérie en 2022. Adapté de GLOBOCAN 2022 : Algeria fact sheet (International Agency for Research on Cancer, 2024)

1.3.2 En France

Le cancer bronchopulmonaire est le 3^e cancer le plus fréquent et la 1^{re} cause de mortalité par cancer, selon une étude publiée en 2023. Chaque année, environ 50 000 à 53 000 nouveaux cas sont diagnostiqués, dont la majorité touche les hommes, bien que l'incidence chez les femmes soit en augmentation en raison du développement du tabagisme féminin et des produits de nettoyage quotidien. L'âge moyen au moment du diagnostic est d'environ 66 ans, et la majorité des cas surviennent après 60 ans.

Chaque année, le cancer du poumon est responsable de plus de 30 000 décès représentant 21 % de l'ensemble des décès par cancer, cela reflète le fait que le cancer du poumon est souvent diagnostiqué à un stade avancé, ce qui réduit les chances de traitement curatif efficace (De Brauer et al., 2024 ; Debieuvre, 2025)

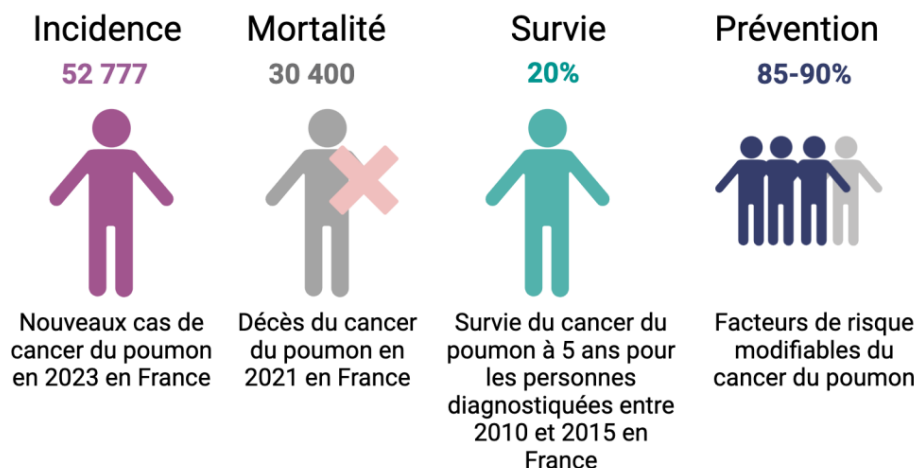


FIGURE 1.3 – Les chiffres clés du cancer du poumon (Centre Léon Bérard, s.d)

1.3.3 Dans le monde

Selon une étude menée par le Centre international de recherche sur le cancer (CIRC) et l'Université de médecine de Guangdong (Chine), nous estimions À l'échelle mondiale, 2 206 771 le nombre de nouveaux cas de cancer du poumon en 2020 : 1 435 943 chez les hommes et 770 828 chez les femmes. Chez les hommes, nous estimions que 560 108 (39 %) des cas de cancer du poumon étaient des adénocarcinomes, 351 807 (25 %) des carcinomes épidermoïdes, 163 862 (11 %) des carcinomes à petites cellules et 115 322 (8 %) des carcinomes à grandes cellules. Chez les femmes, nous estimions que 440 510 (57 %) des cas de cancer du poumon étaient des adénocarcinomes, 91 070 (12 %) des carcinomes épidermoïdes, 68 224 (9 %) des carcinomes à petites cellules et 49 246 (6 %) des carcinomes à grandes cellules.

L'une des conclusions inédites de cette étude est que l'adénocarcinome est devenu le sous-type de cancer du poumon le plus fréquent au monde en 2020 ; chez les femmes, son incidence a dépassé celle du carcinome épidermoïde dans les 185 pays et territoires étudiés (International Agency for Research on Cancer [IARC], s.d)

Nombre de nouveaux cas de cancer détectés dans le monde en 2018

En milliers de cas, par type, tous sexes confondus



Nombre de morts de cancer dans le monde en 2018

En milliers de cas, par type, tous sexes confondus



Source : Centre international de recherche sur le cancer - OMS

FIGURE 1.4 – Nombre de nouveaux cas et de morts de cancer de poumon dans le monde en 2018 (Benkimoun, 2018)

1.4 Dépistage

Le cancer du poumon est souvent diagnostiqué à un stade avancé, lorsque les options thérapeutiques sont limitées et les chances de survie sont plus faibles. Le dépistage précoce des nodules pulmonaires permet de détecter d'éventuels cancers à un stade précoce, plus traitable, afin de réduire la mortalité. Il est recommandé chez les populations à risque élevé telles que :

- Les Fumeurs actifs ou anciens fumeurs.
- Les personnes qui ont une exposition professionnelle à des substances cancérogènes.
- Les personnes ayant des antécédents familiaux de cancer du poumon ou même

d'autres cancers.

1.4.1 Nodules pulmonaires

Les nodules pulmonaires sont de petites taches ou excroissances dans les poumons, généralement inférieurs à 3 centimètres. Ces nodules peuvent être découverts lors d'examens d'imagerie. Des études montrent qu'environ 95 % des nodules pulmonaires sont bénins et non cancéreux. Cependant, certains peuvent être un signe précoce de cancer du poumon, surtout si la personne a un risque élevé de cancer. Les nodules identifiés sont surveillés pour vérifier si le nodule grossit ou présente des signes de malignité.

1.4.2 L'importance du dépistage des nodules pulmonaires

- **Détection du cancer du poumon** : Si le nodule pulmonaire semble malin, sa détection précoce peut avoir un impact positif sur les résultats du traitement.
- **Soins de santé proactifs** : Un dépistage régulier est une façon de prendre soin de la santé. Le suivi régulier peut aider à anticiper d'éventuels problèmes de santé et à détecter rapidement les complications.
- **Options de traitement** : Plus la détection est précoce, plus les options thérapeutiques sont nombreuses.

1.4.3 Processus de dépistage

Le processus de dépistage des nodules pulmonaires comprend généralement les étapes suivantes :

- **Tests d'imagerie** : Selon les recommandations de l'INCa (Institut National du Cancer), le dépistage est réalisé par scanner thoracique faiblement dosé chez les individus éligibles pour identifier un nodule pulmonaire. Si un nodule est détecté, il est recommandé d'effectuer des examens complémentaires pour en vérifier la taille et les caractéristiques.
- **Surveillance** : Si un nodule semble non cancéreux, les médecins le surveilleront au fil du temps afin de pouvoir détecter rapidement tout changement de taille ou de forme.
- **Biopsie** : Elle est réalisée si un nodule se développe en prélevant un petit échantillon de tissu afin de rechercher des cellules cancéreuses.

En cas de dépistage positif, la prise en charge en oncologie thoracique doit se faire dans un délai maximum de 3 semaines (Editorial Team, 2025, Référentiels Aristot, s.d).

1.5 Anatomie et physiologie du poumon

Le système respiratoire humain se compose du nez, des sinus nasaux, de la bouche, du pharynx, du larynx, de la trachée et des poumons.

1.5.1 La structure des poumons

Les poumons

Les poumons sont des organes spongieux qui occupent la cavité thoracique, séparés l'un de l'autre par le cœur et par d'autres structures thoraciques. Au niveau des poumons, l'oxygène indispensable est absorbé par le sang, tandis que les gaz résiduels sont expulsés et expirés. Ils se présentent par paire, mais montrent quelques différences morphologiques. Les poumons reposent sur le diaphragme, et occupent l'hémithorax correspondant à chaque poumon, le médiastin et son contenu étant situés entre eux. Ils sont attachés à la trachée par les bronches principales et au cœur par les vaisseaux pulmonaires.

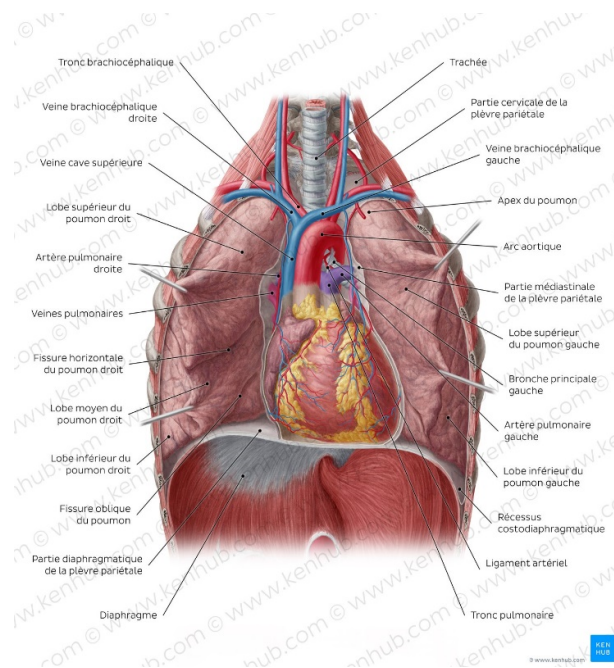


FIGURE 1.5 – Aperçu des poumons in situ (vue antérieure)

Le poumon gauche pèse environ 565 g tandis que le droit pèse environ 625 g. Ils ont également tendance à être plus lourds chez les hommes que chez les femmes, bien que cette caractéristique dépende de la taille des individus.

Le poumon d'un adulte a un aspect marbré foncé qui traduit la présence de la filtration des particules à base de carbone des voies respiratoires. Cela diffère considérablement des poumons d'un nouveau-né, qui sont rose clair.

Chaque poumon possède trois surfaces costale, médiane et diaphragmatique séparées par trois bords antérieurs, postérieur et inférieur.

La plèvre

La plèvre est une membrane séreuse constituée de deux feuillets qui enveloppe chaque poumon, un feuillet viscéral qui recouvre entièrement le poumon, un feuillet pariétal, fixé à la paroi thoracique interne.

Entre ces feuillets se trouve un espace virtuel appelé cavité pleurale. Cette dernière est

remplie de liquide pleural qui permet aux feuillets pariétal et viscéral de glisser librement l'un sur l'autre pendant la respiration.

L'arbre bronchique

Il comprend la trachée, qui est la voie aérienne située devant l'œsophage et s'étend du larynx à la cinquième vertèbre thoracique (T5), où elle se divise en bronches souches droite et gauche.

Deux bronches qui se divisent pour former des bronches plus petites sont les bronches lobaires représentant un conduit qui apporte l'air riche en dioxygène depuis l'extérieur du corps dans les poumons (Wikipedia, 2025)

Les alvéoles, ce sont des sacs aériens qui assure l'échange des gaz respiratoire « hématoxe » entre l'aire et sang.

Les Scissures et segments bronchopulmonaires

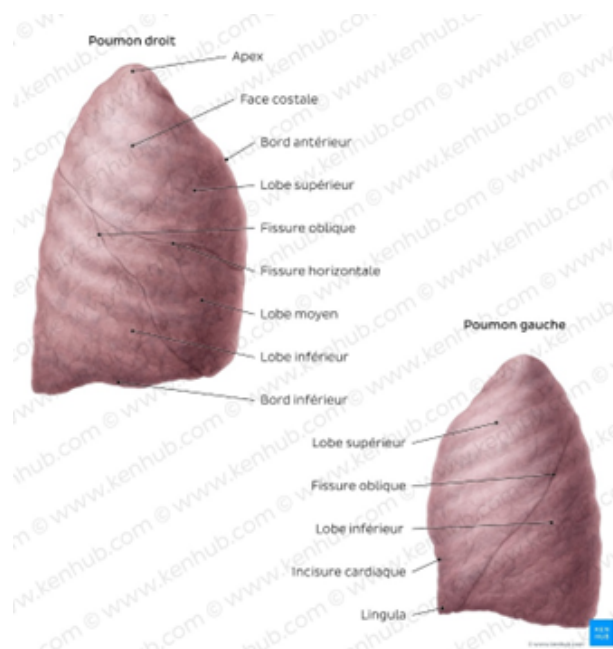


FIGURE 1.6 – Aperçu de la vue latérale des poumons

Les poumons sont divisés en lobes par des scissures. Le poumon gauche comporte deux lobes séparés par une scissure, tandis que le poumon droit en compte trois, séparés par deux scissures.

Les lobes sont ensuite subdivisés en segments bronchopulmonaires, le poumon gauche a 9 à 10 segments, tandis que le poumon droit en a 10. Entre les lobes se trouvent les surfaces interlobaires des poumons, séparées par les scissures pulmonaires.

Vascularisation

Les poumons ont deux circuits : pulmonaire qui part du cœur et achemine le sang désoxygéné vers les poumons pour l'échange gazeux, ramène également le sang oxygéné

vers le cœur pour être redistribué dans le reste du corps, et systémique qui transporte le sang oxygéné du cœur vers le parenchyme pulmonaire, la partie veineuse de ce circuit ramène également le sang désoxygéné vers le cœur pour être traité.

Drainage lymphatique

C'est le processus de nettoyage des poumons et de protection de l'organisme contre les infections, assuré par un liquide clair appelé lymph, qui contient des globules blancs. La lymph fait partie du système lymphatique : elle commence par la collecte des déchets, puis les transporte vers les ganglions lymphatiques. La lymph purifiée retourne ensuite dans la circulation sanguine.

1.5.2 Le rôle de la respiration et des échanges gazeux

La respiration est le processus naturel chez l'être humain qui assure l'échange des gaz entre l'organisme et le milieu extérieur : le dioxygène (O_2), un intrant de la respiration cellulaire, et le dioxyde de carbone (CO_2), un extrant de la respiration cellulaire. Ce processus se déroule en trois étapes :

1. La respiration externe (au niveau des poumons)

L'air circule vers les poumons à travers les voies respiratoires : la trachée, les bronches, les bronchioles jusqu'aux alvéoles pulmonaires. C'est au niveau des alvéoles que s'effectuent les échanges gazeux (RespiFil, s.d).

2. Le transport des gaz

L'oxygène est ensuite transporté par le sang, principalement lié à l'hémoglobine des globules rouges, jusqu'aux tissus et organes.

En retour, le CO est ramené des cellules vers les poumons.

3. La respiration interne (au niveau cellulaire)

Dans chaque cellule, l'oxygène est utilisé pour produire de l'énergie (sous forme d'ATP) grâce à la respiration cellulaire. Ce processus libère du CO , qui sera éliminé par les poumons.

1.5.3 Comment une tumeur perturbe ces fonctions

Les tumeurs pulmonaires peuvent être :

- Bénignes
- Cancéreuses (Keith & Albert, 2023)

Mais dans les deux cas, une tumeur peut perturber les fonctions respiratoires, cette perturbation varie selon plusieurs facteurs tels que la taille, la localisation et l'évolution de la tumeur.

L'exposition répétée à des agents cancérogènes peut provoquer une dysplasie de l'épithélium pulmonaire. Si cette exposition persiste, elle provoque des mutations génétiques et affecte la synthèse protéique. Cela perturbe le cycle cellulaire et favorise la carcinogénèse. Les mutations génétiques les plus fréquemment impliquées dans le développement

du cancer du poumon sont MYC, BCL2 et p53 pour le cancer du poumon à petites cellules (CPPC) et EGFR, KRAS et p16 pour le cancer du poumon non à petites cellules (CPNPC) (Siddiqui, Vaqar & Siddiqui, 2023)

Une tumeur peut bloquer le passage de l'aire vers les alvéoles situées en aval si elle se développe dans une branche, entraînant une dyspnée. Elle évolue en remplaçant les cellules normales des alvéoles, ce qui réduit la surface d'échange gazeux, par conséquent, l'oxygène pénètre moins efficacement dans le sang. Le malade peut avoir des difficultés de respiratoires.

L'atélectasie réfère à l'affaissement du tissu pulmonaire, ce qui conduit à la perte de la fonction d'échange. Les sécrétions stagnantes favorisent une pneumonie post-obstructive aggravant encore la perte de surface respiratoire (Keith, 2025)

Lorsque la tumeur infiltre le tissu alvéolaire ou les lymphatiques pulmonaires, la structure fine nécessaire aux échanges O/CO est détruite ou épaissie, diminuant la diffusion et la surface d'échange. La lymphangite carcinomateuse provoque une dyspnée progressive et une mauvaise oxygénation.

Les métastases pleurales ou l'invasion pleurale peuvent provoquer un épanchement (liquide) qui comprime les poumons et réduit leur expansion diminuant le volume pulmonaire et provoquant une dyspnée (National Cancer Institute, s.d)

1.6 Cancer des poumons

1.6.1 La cancérogenèse

La cancérogenèse est un ensemble d'événements qui transforment une cellule saine en cellule cancéreuse, ce modifiant l'ADN et entraînant des altérations génétiques responsables de la perte du contrôle de la prolifération (Gaiffe, 2018)

Les cancers du poumon, ou carcinomes bronchopulmonaires, sont des tumeurs malignes qui se développent à partir de cellules formant la paroi des bronches ou des alvéoles pulmonaires.

1.6.2 Les types du cancer de poumon

Il existe deux principaux types de cancer du poumon très différents, selon la taille des cellules tumorales observées au microscope :

- Le cancer du poumon non à petites cellules (CBNPC) ou NSCLC (Non Small Cell Lung Cancer en anglais) : Les cancers bronchiques non à petites cellules sont les plus fréquents représentant 85 % des cas selon l'INCa.
- Le cancer du poumon à petites cellules (CPPC) ou SCLC (Small Cell Lung Cancer en anglais) : Il est moins fréquent mais plus agressif, avec une croissance rapide et une tendance précoce à la formation de métastases.

Le cancer du poumon non à petites cellules (CBNPC) ou NSCLC

Nous en distinguons trois sous-types : les adénocarcinomes bronchiques, les carcinomes épidermoïdes et les carcinomes à grandes cellules (Fondation pour la Recherche Médicale [FRM], s.d.).

Les adénocarcinomes bronchiques C'est le type le plus courant de cancer du poumon, Les adénocarcinomes se développent dans les zones périphériques du poumon et peuvent également se propager à d'autres parties du corps, y compris les ganglions lymphatiques, le foie, les os et le cerveau (Anadolu Medical Center, s.d.)

Selon leur taille et leur rapidité de croissance, nous pouvons distinguer plusieurs catégories. Nous les classons généralement en fonction de la forme que prennent les cellules tumorales :

- **Adénocarcinome acineux** : Les cellules cancéreuses prennent la forme de petits sacs (appelés acini), ressemblant aux structures glandulaires normales du poumon.
- **Adénocarcinome papillaire ou micro papillaire** : les cellules présentent des saillies en forme de doigt de gant, dites micropapillaires lorsque ces saillies sont très petites.
- **Adénocarcinome solide** : les cellules forment des structures épaisses et compactes, sans disposition glandulaire nette.
- **Adénocarcinome mixte** : Le tissu tumoral combine plusieurs de ces aspects (acineux, papillaire, solide, etc.) (Deuxième Avis, s.d.)

Les carcinomes épidermoïdes Il se développe dans les grosses bronches situées près du centre du poumon, proches du hile. Nous regroupons généralement les types de carcinomes épidermoïdes selon l'apparence des cellules tumorales observées au microscope (Deuxième Avis, s.d.) :

- **Carcinome épidermoïde kératinisant** : les cellules produisent de la kératine et se caractérisent par la présence de ponts intercellulaires.
- **Carcinome épidermoïde non kératinisant** : les cellules ne produisent pas de kératine mais conservent les caractéristiques d'un carcinome épidermoïde.
- **Carcinome basaloïde** : il se présente comme de petites cellules basophiles à noyaux hyperchromatiques disposées en amas compacts, caractérisées par une croissance rapide.
- **Carcinome épidermoïde mixte** : associe plusieurs de ces aspects dans une même tumeur.

Les carcinomes à grandes cellules Il peut se développer partout dans les poumons. Ses cellules tumorales se caractérisent par un caractère indifférencié et une évolution plus rapide. Cette différenciation est un critère permettant de mesurer la différence entre une cellule normale et une cellule maligne. Une cellule cancéreuse est indifférenciée lorsqu'elle se comporte très différemment d'une cellule normale (Deuxième Avis, s.d.)

Selon la classification OMS 2021 il existe trois types :

- **Carcinome à grandes cellules classique** : c'est un type très agressif, qui se caractérise par des cellules volumineuses.
- **Carcinome neuroendocrine à grandes cellules (LCNEC – Large Cell Neuroendocrine Carcinoma)** : c'est un type agressif composé de cellules neuroendocrines responsables de la production d'hormones qui contribuent à réguler l'activité d'autres cellules et tissus. Dans les poumons, les LCNEC se développent généralement dans les parois des voies respiratoires (Wasserman, 2025)
- **Carcinome à grandes cellules avec différenciation** : il s'agit d'un carcinome mixte, où les cellules tumorales présentent des signes glandulaires, épidermoïdes ou neuroendocrines.

Cancer bronchique à petites cellules (CBPC)

Il s'agit d'une tumeur volumineuse, développée à partir des grosses bronches et tendant à s'étendre au médiastin. La conséquence est une compression extrinsèque et une infiltration de l'arbre bronchique, ainsi que des syndromes de compression médiastinale. Elle fait partie des tumeurs neuroendocrines et se caractérise par sa capacité de sécrétion (ARCAGY, s.d.)

L'Organisation mondiale de la Santé distingue deux formes :

1. **Carcinome à petites cellules classique** : il s'agit uniquement de petites cellules neuroendocrines malignes qui se développent dans les bronches principales. Ces cellules ont peu de cytoplasme, des noyaux denses et une activité mitotique élevée, ce qui entraîne une croissance rapide
2. **Carcinome pulmonaire mixte** : les cellules tumorales combinent des caractéristiques de plusieurs formes de cancer bronchique. Il peut se développer dans n'importe quelle région du poumon.

1.6.3 Facteur du risque

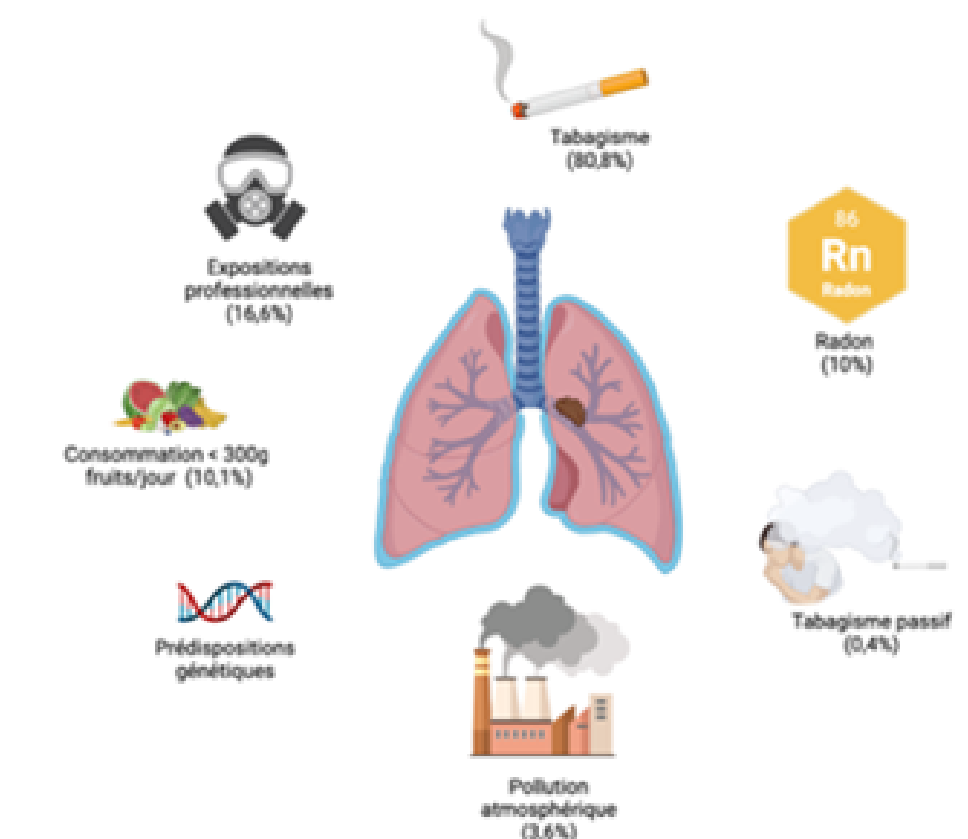


FIGURE 1.7 – Facteurs de risques

TABLE 1.1 – Facteurs de risque du cancer du poumon

Facteur	Effets	Statistiques
Tabagisme actif et passif (Gaiffe, 2018)	Toutes formes de tabac. Risque de cancer du poumon et de nombreux autres cancers (œsophage, bouche, gorge, vessie, côlon, rectum, pancréas, col de l’utérus, rein, foie...)	Responsable de 47 000 décès par cancer en France. Associé à >80 % des cas de cancer du poumon et 70 % des décès. Risque 10x plus élevé que chez un non-fumeur
L’exposition à des substances cancérogènes	Amiante, chrome, arsenic, radon, cobalt, produits du charbon, carburants, micro-particules diesel/bois, nickel, chlorure de vinyle	Responsable d’environ 15 % des cancers du poumon. Considéré comme risque professionnel
Pollution atmosphérique (Vidal, s.d.)		
Antécédents personnels	Les personnes qui ont des antécédents de maladie des poumons ou de cancer des poumons ont un risque plus élevé de cancer du poumon.	
Exposition aux rayons ionisants	Radiographies répétées avant 30 ans, radiothérapie anticancéreuse, etc.	
Compléments alimentaires - carotène (Gaiffe, 2018)	Forte dose (20 mg/j), surtout chez fumeurs ou exposés à l’amiante	

1.6.4 Stades de la maladie

Le cancer du poumon se développe différemment selon son type. Pour le cancer non à petites cellules, il commence par une tumeur localisée dans un poumon, puis peut s’étendre aux structures voisines comme les ganglions lymphatiques de proximité, la plèvre ou la paroi thoracique. Ensuite, les cellules cancéreuses peuvent atteindre les ganglions médiastinaux ou d’autres organes à l’intérieur de la cage thoracique, avant de se propager à distance, comme au foie ou au cerveau. Pour le cancer à petites cellules, nous distinguons un stade limité, où les cellules sont confinées à un poumon et aux ganglions proches ou au liquide pleural, et un stade étendu, lorsque la propagation touche un ou plusieurs organes dans la cage thoracique ou d’autres parties du corps.

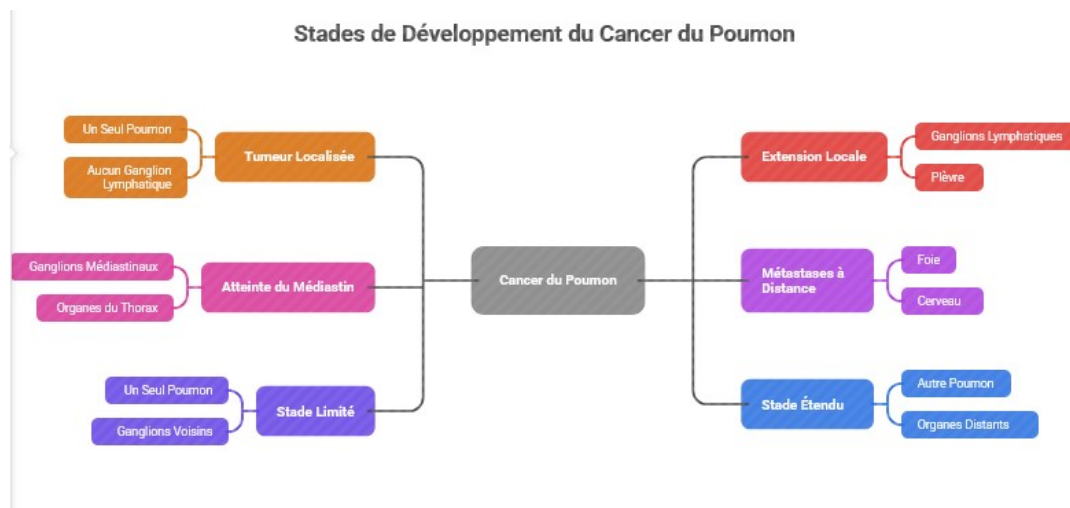


FIGURE 1.8 – Progression du cancer du poumon selon le type

1.6.5 Physiopathologie

Le cancer du poumon résulte d'une transformation maligne des cellules pulmonaires, initiée par des mutations génétiques acquises ou héritées, qui entraînent une prolifération incontrôlée. Ces anomalies perturbent les mécanismes normaux de croissance et de mort cellulaire, conduisant à la formation d'une tumeur primitive et à son évolution vers des formes invasives et métastatiques. Le cancer du poumon est classé parmi les tumeurs à oncogenèse complexe, les plus fréquentes. Parmi les anomalies observées : la réparation de l'ADN et les processus d'intégration de l'information (Vivre avec le cancer du poumon, s.d.)

Les mutations les plus importantes :

- **PD-L1 (Programmed death ligand 1)** : Les cellules cancéreuses utilisent PD-L1 pour échapper au système immunitaire. Des médicaments peuvent bloquer PD-L1, permettant au système immunitaire d'attaquer les cellules tumorales.
- **EGFR (Epidermal growth factor receptor)** : ce gène contrôle la multiplication cellulaire. Lorsqu'il est hyperactif, il provoque une croissance tumorale incontrôlée. Les mutations EGFR sont fréquentes chez les femmes et les non-fumeurs (10–15 % des cancers non à petites cellules). Des inhibiteurs ciblés régulent cette prolifération.
- **ALK (Anaplastic lymphom kinase)** : une translocation impliquante ALK favorise la multiplication incontrôlée des cellules cancéreuses. Elle concerne 3–5 % des cancers non à petites cellules, surtout chez les non-fumeurs, les femmes et les personnes âgées.
- **ROS1** : un réarrangement génétique impliquant ROS1 entraîne une division cellulaire accrue. Cette mutation est rare.
- **BRAF** : une mutation de BRAF perturbe la croissance normale des cellules et contribue à la formation de tumeurs.

1.6.6 Diagnostic et évaluation de cancer du poumon

Les premières étapes pour diagnostiquer un cancer du poumon, consistent à effectuer un examen clinique suivi d'une radiographie thoracique.

La radiographie du thorax peut sembler normale alors qu'un cancer du poumon est présent si la tumeur est de petite taille. Il est donc nécessaire de réaliser d'autres examens, tels que la fibroscopie bronchique et la tomodensitométrie.

Nous effectuons également une biopsie afin de confirmer le diagnostic de cancer du poumon et de préciser le type de cancer présent (cancer « à petites cellules » ou « non à petites cellules ») (Fondation ARC, s.d.)

Une fois le cancer diagnostiqué, il faut définir le stade de la maladie afin de choisir le traitement le plus adapté, en réalisant un bilan reposant sur plusieurs examens :

- **Médiastinoscopie** : cet examen permet de détecter si les ganglions lymphatiques du médiastin sont atteints et de guider une éventuelle intervention chirurgicale du poumon.
- **Tomographie par émission de positons (TEP ou PET-Scan)** : permet de visualiser les cellules cancéreuses en division.
- **Scintigraphie osseuse** : permet d'observer le squelette du patient afin de détecter d'éventuelles atteintes osseuses.
- **Scanner (ou tomodensitométrie) du poumon** : permet d'évaluer la taille de la tumeur.
- **Échographie hépatique** : permet de détecter d'éventuelles métastases au foie si les cellules cancéreuses pulmonaires s'y propagent.
- **Explorations fonctionnelles respiratoires** : évaluent la capacité respiratoire du patient et déterminent si une intervention chirurgicale peut être réalisée sans provoquer d'essoufflement ni de difficultés respiratoires.

1.6.7 Traitement et soins

Les traitements contre le cancer du poumon dépendent du type de cancer, de l'ampleur de sa propagation et des antécédents médicaux de la personne. La détection précoce du cancer du poumon permet d'accéder à de meilleurs traitements et d'obtenir de meilleurs résultats.

Les traitements comprennent notamment :

- La chirurgie
- La radiothérapie (rayonnement)
- La chimiothérapie
- Les thérapies ciblées
- L'immunothérapie.

Étapes des soins

a) Stade précoce de la maladie Le premier traitement du cancer du poumon à un stade précoce, c'est-à-dire lorsque la tumeur est limitée au poumon et qu'il n'existe pas

de propagation métastatique vers les organes ou les ganglions lymphatiques éloignés, est l'excision chirurgicale de la tumeur au moyen d'interventions telles que la lobectomie, la segmentectomie ou la résection cunéiforme. La chimiothérapie et/ou la radiothérapie peut permettre de réduire la taille de la tumeur, facilitant ainsi son excision chirurgicale.

b) Stade avancé de la maladie Le traitement du cancer du poumon au stade métastatique s'applique lorsque le cancer s'est propagé à des organes ou à des ganglions lymphatiques distants. Les traitements systémiques, tels que la chimiothérapie, les thérapies ciblées et l'immunothérapie, jouent un rôle crucial à ce stade. Les thérapies ciblées sont conçues pour bloquer les systèmes de signalisation qui stimulent la croissance des cellules cancéreuses, notamment chez les patients présentant des mutations génétiques spécifiques. L'immunothérapie utilise des médicaments qui aident le système immunitaire à reconnaître et à attaquer les cellules cancéreuses.

c) Essais cliniques Les essais cliniques offrent aux patients la possibilité d'accéder à de nouveaux traitements ou à des thérapies expérimentales. La participation à ces essais contribue à faire progresser les connaissances médicales et offre potentiellement de nouvelles options thérapeutiques. (World Health Organization, 2023)

1.6.8 Prévention

La prévention primaire du cancer consiste à éviter l'exposition à un agent cancérigène. Pour le cancer du poumon, la principale mesure de prévention est la lutte contre le tabagisme ainsi que contre les facteurs environnementaux, professionnels ou non, tels que la pollution (Centre Léon Bérard, s.d.)

Étant donné que le tabagisme est le principal facteur de risque, huit actions ont été définies dans le cadre d'un programme piloté par le ministère de la Santé français et sont mises en place progressivement tout au long de la période du Plan Cancer 2014–2019 :

- « Renforcer les contrôles pour faire appliquer la loi et protéger les mineurs »
- « Réduire l'attractivité des produits du tabac »
- « Sensibiliser et accompagner les jeunes pour éviter l'initiation ou favoriser l'arrêt du tabagisme »
- « Renforcer l'implication des professionnels de santé libéraux »
- « Rationaliser l'organisation des moyens d'information et d'orientation des fumeurs qui souhaitent s'arrêter »
- « Tripler le montant pris en charge du forfait de sevrage tabagique pour les jeunes de 20-30 ans, les bénéficiaires de la CMU-C, les patients atteints de cancer »
- « Utiliser les hausses futures du prix de vente des produits tabac pour renforcer l'efficacité du programme »
- « Impliquer les buralistes dans la concertation avec les parties prenantes pour la lutte contre le tabac et investir la question des liens d'intérêt entre les industriels du tabac et les acteurs publics » (Gaiffe, 2018)

1.6.9 Évolution du cancer de poumon

- **Début de la maladie** : La maladie commence par la formation d'une tumeur primitive dans les bronches (cancers centraux) ou dans les alvéoles (cancers périphériques).
- **Invasion locale** : La tumeur envahit les tissus pulmonaires adjacents, les bronches, la plèvre et parfois la paroi thoracique, ce qui peut entraîner une obstruction bronchique, des infections pulmonaires répétées, une dyspnée et une hémoptysie.
- **Atteinte ganglionnaire** : Cette étape marque le passage du cancer à un stade plus avancé, limitant les options chirurgicales.
- **Métastases à distance** : Par voie sanguine, le cancer peut métastaser au cerveau, aux os, au foie et aux glandes surrénales. (Molina et al., 2008)

1.6.10 Les enjeux de la recherche sur le cancer de poumon

Dépistage des personnes à haut risque : L'étude NLST (National Lung Screening Trial) a révélé une baisse de la mortalité par cancer du poumon de 20 % chez des fumeurs ou anciens fumeurs dépistés par un scanner annuel à faible dose. La principale limite réside dans la génération de « faux positifs », l'imagerie révélant des lésions suspectes qui, en réalité, ne sont pas cancéreuses. Parmi les améliorations attendues, on envisage de coupler le scanner thoracique à un test sanguin ou urinaire capable de détecter des cellules tumorales circulantes (CTC) ou même l'ADN des cellules cancéreuses, susceptible lui aussi d'être libéré par la tumeur.

Personnalisation des traitements : La personnalisation des traitements en fonction de l'« identité moléculaire » de chaque tumeur constitue également une des grandes perspectives en oncologie thoracique. L'objectif est de pouvoir choisir le médicament approprié selon la présence ou l'absence d'anomalies spécifiques dans la tumeur

Poursuivre la voie de l'immunothérapie : L'immunothérapie est une stratégie thérapeutique, et la recherche se poursuit pour exploiter toutes les possibilités qu'elle offre.

- L'immunothérapie en association : Des combinaisons de traitements associent immunothérapies et autres traitements systémiques afin d'obtenir une synergie et une efficacité supérieures à celles de chaque traitement utilisé seul.
- La vaccination thérapeutique (ou immunothérapie spécifique) : Contrairement à la vaccination préventive, elle vise à stimuler les réponses immunitaires des patients lorsque la maladie est déjà déclarée. Des travaux de recherche ont pour objectif de développer des composants issus de cellules de cancers du poumon dits « immuno-gènes », afin de les injecter aux patients. Ces composés auraient la particularité de déclencher une réaction immunitaire spécifique contre la tumeur. (Fondation ARC, s.d.)

1.7 Conclusion

A travers ce premier chapitre, nous avons pu comprendre la complexité du cancer du poumon qui représente un enjeu majeur de santé publique à l'échelle mondiale, y compris

en Algérie, en raison de sa mortalité élevée et de son diagnostic souvent tardif.

L'étude a également insisté sur le rôle crucial du dépistage précoce, notamment chez les populations exposées aux facteurs de risques tels que le tabagisme, la pollution et les agents cancérogènes professionnels.

L'amélioration des stratégies de dépistage, notamment par l'utilisation de systèmes d'intelligence artificielle appliqués à l'imagerie médicale, représente une perspective prometteuse pour la détection précoce des nodules pulmonaires et l'amélioration du pronostic des patients.

En somme, le cancer du poumon ne se limite pas à une défaillance organique ; il s'inscrit dans un processus biologique complexe dont la compréhension approfondie est indispensable pour améliorer la prise en charge des patients et les stratégies de prévention. Ces bases théoriques et cliniques constituent désormais le socle nécessaire pour aborder, dans la suite de ce travail, les aspects plus spécifiques de notre étude.

Chapitre 2

État de l'art

2.1 Intelligence Artificielle

2.1.1 Les principaux domaines de l'IA

L'intelligence artificielle, c'est l'ensemble des instructions et des techniques qui cherchent à construire un programme capable d'imiter les fonctions cognitives humaines, notamment l'apprentissage. C'est un domaine multidisciplinaire qui regroupe plusieurs sous-domaines spécialisés selon les types de problèmes :

- **Machine Learning** : c'est une branche de l'IA où les machines apprennent automatiquement à partir des données.
- **Deep Learning** : c'est une branche du Machine Learning qui utilise des réseaux de neurones profonds afin d'analyser les données complexes.
- **Traitement du langage naturel** : c'est le terme qui décrit la capacité des machines à comprendre et interpréter le langage humain.
- **Systèmes experts et raisonnement automatique** : ce sont un ensemble de programmes capables d'effectuer une simulation de la logique humaine afin de prendre des décisions suivant des règles définies.

2.1.2 Apprentissage automatique (Machine Learning)

Définition de Machine Learning

Selon Wikipédia (novembre 2025), « L'apprentissage automatique (en anglais, Machine Learning) est un champ d'étude de l'intelligence artificielle qui se fonde sur des approches mathématiques et statistiques pour donner aux ordinateurs la capacité d'apprendre à partir de données, i.e. améliorer leurs performances à résoudre des tâches sans être explicitement programmés. »

Selon Arthur Samuel, l'apprentissage automatique, c'est la capacité d'un programme à apprendre sans que cette modification ne soit explicitement programmée (Azencott, 2018, p.10)

Le Machine Learning repose sur deux piliers fondamentaux :

- a. **Les données**, qui sont les exemples à partir desquels l'algorithme va apprendre.
- b. **L'algorithme d'apprentissage**, qui est la modélisation, la production du modèle à partir d'une procédure que l'on fait tourner sur ces données pour produire un modèle ; c'est ce qu'on appelle un entraînement (Azencott, 2018, p. 11)

Types de Machine Learning

Selon l'objectif et les types de données on peut distinguer plusieurs types de Machine Learning :

1. Apprentissage supervisé

C'est la méthode de conception d'un algorithme qui a le but d'apprendre à faire des prédictions, à partir d'une liste d'exemples étiquetés.

- a. **Classification binaire** : lorsque les étiquettes sont binaires, $Y = 0, 1$, ce qui indique l'appartenance à une classe.
- b. **Classification multi-classe** : lorsque les étiquettes sont discrètes et finies, $Y = 1, 2, \dots, C$, ce qui indique l'appartenance à plusieurs classes.
- c. **Régression** : lorsque les étiquettes sont $Y = \mathbb{R}$ c'est appelé un problème de régression, i.e. les étiquettes sont à valeurs réelles

2. Apprentissage non supervisé

Il s'agit de construire un algorithme capable de traiter les données non-étiquetées, en découvrant les structures et les relations dans les données. Il est basé sur :

- a. **Le clustering** : c'est la méthode qui regroupe les données similaires selon un principe de partition.
- b. **La réduction des dimensions** : c'est la méthode qui vise à trouver une représentation des données dans un espace de dimension plus faible, en gardant les informations pertinentes et en négligeant les bruits.

3. Apprentissage semi supervisé

Il s'agit de construire des modèles à partir d'une combinaison des données étiquetées et d'autres non étiquetées dont la majorité est non étiquetées. Les données étiquetées ont pour but de guider le processus d'apprentissage, tandis que les données non étiquetées ont pour but d'améliorer la capacité de généralisation.

4. Apprentissage par renforcement

Il s'agit d'une interaction entre le système d'apprentissage et son environnement. L'apprentissage consiste à définir une politique i.e. une stratégie qui permet d'obtenir une récompense positive en choisissant une bonne action, sinon une récompense négative dans le cas contraire.

5. Apprentissage par transfert

C'est le type d'apprentissage qui vise à transférer les connaissances acquises à partir de la résolution de problèmes donnés pour traiter un autre problème. Il existe trois types majeurs :

- a. **Apprentissage par transfert inductif** : les domaines source et cible sont les mêmes (mêmes données), mais les tâches source et cible sont différentes mais proches.
- b. **Apprentissage par transfert non supervisé** : les domaines source et cible sont similaires, mais les tâches sont différentes, les données des deux domaines ne sont pas étiquetées.
- c. **Apprentissage par transfert transductif** : les domaines source et cible sont différents mais les tâches source et cible sont similaires.

Fonctionnement de Machine Learning

Le machine Learning repose sur quatre étapes principales :

- **La première étape** consiste à préparer un ensemble de données qui sera utilisé pour apprendre à résoudre le problème pour lequel il est conçu. Les données doivent être préparées, nettoyées, et divisées en 2 (ou 3) sous-ensembles train, validation et test.
- **La deuxième étape** consiste à sélectionner un type d'algorithme à exécuter sur l'ensemble de données d'entraînement, tout dépendant du type et du volume de données d'entraînement et du type de problème à résoudre.
- **La troisième étape** est l'entraînement de l'algorithme, à la fin de chaque époque nous effectuons une mise à jour des poids et des biais pour les ajuster afin d'accroître la précision du résultat.
- **La quatrième étape**, nous utilisons le modèle sur de nouvelles données pour savoir si le modèle a bien appris ou non. Une haute précision ne signifie pas toujours qu'il généralise bien ou qu'il a bien appris, nous devons toujours l'évaluer avec d'autres métriques d'évaluation.

Algorithmes Machine Learning

Ce sont des procédures mathématiques qui donnent la possibilité à un système d'apprendre à partir de données et de faire des prédictions :

a. Les algorithmes supervisés

- **Régression** : un modèle mathématique dont la fonction est d'étudier le lien entre une variable principale et plusieurs variables explicatives.
- **K-NN** : le K plus proche voisin est un type d'algorithme qui vise à effectuer une classification en fonction des K points les plus proches dans l'espace des caractéristiques, en utilisant une mesure de distance.
- **Support Vector Machines** : un algorithme qui vise à trouver l'hyperplan optimal qui sépare les données en classes, en maximisant la marge entre chaque classe et les points les plus proches.
- **Arbres de décision et Random forest** : ces algorithmes sont basés sur une structure arborescente pour prendre des décisions, en divisant les données en sous-groupes. Les forêts aléatoires sont la combinaison des prédictions des arbres indépendants pour améliorer la précision et éviter le surajustement.

- **Gradient Boosting** : c'est la combinaison de plusieurs modèles faibles, chaque nouveau modèle corrige les erreurs des modèles précédents en optimisant une fonction de perte par descente de gradient.

b. Les algorithmes non supervisés

- **Hierarchical Clustering** : il vise à créer une hiérarchie de clusters en regroupant les données similaires. Il existe deux approches : Agglomératif et Divisif.
- **DBSCAN** : C'est un algorithme basé sur la densité. Il regroupe les points proches les uns des autres en clusters, et identifie comme bruit les points isolés qui ne respectent pas une densité minimale définie par des paramètres tels que ϵ (distance maximale) et minPts (nombre minimal de voisins)

c. Les algorithmes semi supervisés

- **Self-training** : le modèle est d'abord entraîné sur les données étiquetées, puis utilise ses propres prédictions sur les données non étiquetées
- **Co-training** : deux modèles distincts sont entraînés sur des vues différentes des mêmes données étiquetées. Chaque modèle prédit des labels pour les données non-étiquetées et les exemples les plus fiables sont ajoutés à l'ensemble d'entraînement de l'autre modèle.

d. Les algorithmes par renforcement

- **Q-Learning** : cet algorithme apprend à choisir les meilleures actions dans chaque état pour maximiser la récompense en mettant une fonction de valeur Q basée sur les expériences passées.
- **Deep Q-Network (DQN)** : C'est une variante du Q-Learning qui utilise un réseau de neurones profond pour approximer la fonction Q.

e. Les algorithmes par transfert

- **Fine-tuning de réseaux pré-entraînés** : C'est une technique où on affine un réseau de neurones pré-entraîné sur une tâche ou un large dataset pour une nouvelle tâche spécifique.

Limites fondamentales

Malgré ses avancées, les limites sont nombreuses car au final, ces algorithmes et ces méthodes restent des outils sans véritable compréhension du monde qui les entoure. Il ne peut évidemment pas penser au-delà des données sur lesquelles il a été entraîné, ce qui restreint considérablement sa capacité à s'adapter à des situations nouvelles. Parmi ces limites, on peut citer :

- **Le manque de bon sens et de la créativité** : le ML est incapable de comprendre le vrai contexte comme les humains. Vu qu'il ne possède pas des expériences personnelles, des émotions et une compréhension du monde, il manque d'originalité véritable car il ne peut pas imaginer quelque chose de totalement nouveau.

- **Dépendance aux données et ressources** : le ML est entièrement dépendant des données sur lesquelles il est entraîné. Ces algorithmes nécessitent d'énormes ressources informatiques.
- **Limites éthiques et sociales de l'IA** : les biais présents dans les données peuvent conduire à des discriminations systémiques lorsque les algorithmes sont utilisés pour prendre des décisions importantes (Lacroix, 2025)

2.1.3 Apprentissage profond (Deep Learning)

Définition du Deep Learning

Le Deep Learning est une sous-catégorie du Machine Learning qui utilise des réseaux neuronaux multicouches afin de simuler les décisions complexes du cerveau humain. La principale différence entre le Deep Learning et le Machine Learning se présente dans l'extraction des caractéristiques : elle est généralement réalisée manuellement par l'expert dans le ML. Cependant, elle est effectuée automatiquement dans le Deep Learning grâce à la profondeur du réseau (Holdsworth & Scapicchio, 2025)

Fonctionnement du Deep Learning

Les réseaux neuronaux ont été inspirés par les réseaux biologiques humains via une combinaison d'entrées de données, de poids et de biais. Les réseaux neuronaux profonds sont constitués de plusieurs couches de nœuds interconnectés, chacune s'appuyant sur la précédente pour optimiser la prédiction.

Les modèles du Deep Learning sont basés sur deux processus, **la propagation avant** qui se traduit en un ensemble des calculs à travers le réseau via une fonction d'activation.

La couche d'entrée est celle où le modèle de Deep Learning ingère les données à traiter, et la couche de sortie est celle où la prédiction ou la classification finale est effectuée.

La rétropropagation ou propagation arrière vise à calculer les erreurs dans les prédictions en utilisant des algorithmes tels que la descente de gradient, puis ajuste les poids et les biais de la fonction en remontant dans les couches pour entraîner le modèle. (Holdsworth & Scapicchio, 2025)

Types de modèles

Il existe différents types de réseaux neuronaux, adaptés à des problèmes ou à des jeux de données spécifiques. Nous pouvons citer :

- **Les réseaux neuronaux convolutifs** : ils sont souvent utilisés dans la classification des données structurées sous forme de grille vu leur capacité à détecter les caractéristiques et les schémas dans les images et les vidéos.
- **Les réseaux neuronaux récurrents (RNN)** : ils sont généralement utilisés dans les applications de traitement du langage naturel et de reconnaissance automatique de la parole car ils utilisent des données séquentielles ou de séries temporelles.
- **Les réseaux antagonistes génératifs (GAN)** : leur but initial est de créer de nouvelles données ressemblant aux données d'apprentissage d'origine. Ils contiennent deux parties : le générateur, qui crée quelque chose en fonction de l'entrée, et le

discriminateur, qui essaie de faire la distinction entre les données réelles et fausses. (Holdsworth & Scapicchio, 2025)

Les limites du Deep Learning

Même s'il a beaucoup d'avantages, il a aussi ses limites, parmi lesquelles :

- Ils sont des « boîtes noires », ce qui complique la compréhension de leur fonctionnement interne et pose des problèmes d'interprétabilité.
- L'énorme besoin en puissance de calcul.
- Le besoin d'une grande quantité de données pour qu'il soit efficace et performant. (Retengr, s.d.)

2.1.4 Réseaux de neurones convolutifs (CNN)

Définition des CNN

Ils sont toujours les modèles les plus performants pour la classification d'images, et vu qu'ils sont désignés comme une sous-catégorie de réseaux de neurones ils présentent donc toutes les caractéristiques des réseaux de neurones. Cependant, ils sont spécialement conçus pour traiter des images en entrée.

Architecture des CNN

Il existe trois types de couches pour un réseau de neurones convolutif : les deux premières couches sont dédiées à l'extraction des caractéristiques, la dernière couche est dédiée à la classification :

- La couche de convolution** : elle représente la première couche, son but est d'extraire les caractéristiques pertinentes des images reçues en entrée. Pour cela, on réalise un filtrage par convolution qui a pour principe de faire glisser une fenêtre représentant la caractéristique sur l'image et de calculer le produit de convolution entre la caractéristique et chaque portion de l'image balayée. La première couche de convolution apprend des caractéristiques simples ; plus les couches de convolution sont éloignées de l'entrée, plus elles apprennent des caractéristiques complexes. On obtient une carte des caractéristiques en sortie de chaque couche de convolution.
- La couche de Pooling** : elle est placée entre deux couches de convolution, reçoit en entrée plusieurs cartes des caractéristiques et applique à chacune d'entre elles l'opération de pooling, qui consiste à réduire la taille des images.
- La couche fully-connected** : elle représente la dernière couche d'un réseau de neurones convolutif, reçoit un vecteur en entrée et produit un nouveau vecteur en sortie. Pour cela, elle applique une combinaison linéaire puis une fonction d'activation aux valeurs reçues en entrée. Elle permet la classification de l'image.

Les CNN utilisent aussi d'autres couches dites fonctionnelles qui régulent le flux d'information, contrôlent la stabilité mathématique ou reconstruisent des images :

- **La couche de normalisation** : Elle est conçue pour stabiliser l'apprentissage, souvent introduite entre la couche de convolution et la couche d'activation.

- **La couche d'activation** : Des fonctions comme ReLU, Sigmoid ou Tanh qui permettent au modèle d'apprendre des relations complexes.
- **La couche de déconvolution** : c'est l'opération inverse d'une convolution classique. Elle permet d'obtenir l'image à partir d'une carte des caractéristiques, et elle est souvent utilisée pour la segmentation.

Fonctionnement des CNN

Le CNN reçoit une image souvent représentée sous forme de matrice de pixels en entrée. Les couches de convolution appliquent des filtres à des régions locales de l'image afin d'extraire des caractéristiques spécifiques, puis une fonction d'activation introduit une non-linéarité dans le modèle. La fonction (ReLU) est la plus utilisée parce qu'elle facilite l'entraînement en évitant le problème de gradient nul et en accélérant la propagation des gradients.

La couche de Pooling est ensuite utilisée pour réduire les dimensions de la carte des caractéristiques en préservant les informations pertinentes. Les étapes de convolution, activation et pooling sont répétées sur plusieurs couches ce qui permet de former une hiérarchie de caractéristiques de plus en plus abstraites. Les caractéristiques extraites sont ensuite acheminées à travers des couches entièrement connectées qui combinent ces informations pour effectuer la classification ou la prédiction finale, cela passe par plusieurs étapes :

1. L'aplatissement (le flattening) : pour transformer la carte des caractéristiques multidimensionnelle en un vecteur unidimensionnel.
2. L'application d'une fonction d'activation, Softmax pour la classification multi classes, Sigmoid pour la classification binaire
3. La fonction coût : mesurer l'écart entre les prédictions du modèle et les vraies étiquettes.
4. L'optimisation : ajuster les poids du réseau.
5. L'évaluation : mesurer la performance du modèle sur des données nouvelles à l'aide de métriques comme l'accuracy, la précision ou le rappel.

Techniques avancées

Ce sont l'ensemble des méthodes qui visent à améliorer et optimiser la performance ainsi que l'efficacité :

- **Réseaux Résiduels** : ResNet permet d'entraîner efficacement des réseaux neuronaux extrêmement profonds, avec des milliers de couches, il atténue le problème de disparition du gradient, qui affecte communément les réseaux très profonds. (Retengr, s.d.)
- **Réseaux à Capsules** : CapsNets sont conçus pour surmonter certaines limitations des CNN ; ils visent à mieux reconnaître les relations hiérarchiques entre les caractéristiques d'une image et à encoder des informations plus détaillées sur les propriétés d'un objet en produisant un vecteur au lieu d'une valeur scalaire (Retengr, s.d.)
- **Inception** : Le module Inception est conçu pour permettre à un CNN de tirer parti de l'extraction de caractéristiques multi-niveaux en implémentant des filtres de tailles différentes au sein d'une même couche du réseau (Nexa, 2025)

- **Dropout** : technique de régularisation en désactivant quelques neurones afin d'éviter le surapprentissage et d'améliorer la performance.
- **Batch Normalization** : technique de régularisation qui vise à stabiliser l'apprentissage et à accélérer la convergence.

Les limites des CNN

- Le besoin d'une grande quantité de données annotées pour éviter le surajustement.
- Le coût élevé nécessitant des GPU/TPU pour un entraînement efficace.
- Difficulté d'interprétation des décisions prises par le modèle.
- Manque d'adaptabilité aux nouvelles tâches sans nouvel entraînement.
- Dépendance aux hyperparamètres (taille des filtres, profondeur du réseau, etc.) ...

2.1.5 Applications de l'IA dans le domaine médical

Diagnostic précoce

L'IA est utilisée pour analyser de grandes quantités de données médicales, ce qui aide à la détection des signes précoces de maladies avant qu'elles ne deviennent visibles à l'œil humain. La détection précoce peut améliorer le traitement et réduire les coûts des tests médicaux. Mais elle ne remplace jamais les médecins, leur validation reste toujours nécessaire. (Taouli & Damerdj, 2024)

Traitement personnalisé

L'IA peut analyser les caractéristiques individuelles des patients comme leur génétique afin de recommander des traitements personnalisés. Cela permet d'optimiser l'efficacité de la thérapie. (Taouli & Damerdj, 2024)

Imagerie médicale

L'IA joue un rôle majeur dans le domaine de l'imagerie, grâce aux techniques avancées du Deep Learning notamment les CNN, elle permet d'effectuer une détection plus précise des anomalies et une segmentation des organes

Télémédecine

La télémédecine existe sans IA, mais cette dernière vise à améliorer les soins à distance. Elle permet une surveillance continue grâce aux capteurs connectés et adapte les traitements ou les conseils en fonction du profil spécifique des patients notamment ceux qui ont des maladies chroniques

Développement de médicaments

L'IA aide au développement de médicaments en accélérant la recherche et en réduisant les coûts. Elle analyse de vastes bases de données chimiques et biologiques pour identifier des caractéristiques pertinentes, et prévoit leur efficacité et leur toxicité.

2.2 L'imagerie médicale

2.2.1 Définition et rôle de l'imagerie médicale

L'imagerie médicale regroupe l'ensemble des moyens d'acquisition et de restitution d'images du corps humain à partir de différents phénomènes physiques tels que : l'absorption des rayons X, la résonance magnétique nucléaire, la réflexion d'ondes ultrasonores ou la radioactivité. Ces techniques sont considérées comme des outils diagnostiques mais peuvent être aussi un élément essentiel à la recherche clinique. Parmi les grands repères qui marquent son évolution, nous citons :

- 1895 : Découverte des rayons X par Roentgen et première radiographie
- 1955 : Mise au point de la visualisation du corps humain en coupes par utilisation des ultrasons (échographie).
- 1972 : visualisation du corps humain en coupes grâce aux rayons X et à l'ordinateur (scanner X) par Hounsfield.
- 1973 : Mise au point de la visualisation du corps humain par l'IRM, grâce aux champs magnétiques, aux ondes radios et à l'ordinateur, par Lauterbur et Damadian.
- 1990 : développement de la médecine nucléaire ... (Université Batna 2, 2019, chapitre 1)

2.2.2 Types d'imagerie utilisée pour le cancer du poumon

Plusieurs techniques d'imagerie sont utilisées pour détecter, diagnostiquer et suivre l'évolution du cancer du poumon :

Radiographie thoracique (Rayons X)

Les rayons X sont, comme la lumière, une forme de rayonnement électromagnétique. Ils se déplacent dans le vide à la vitesse de la lumière $c = 300\,000\text{ km/s}$. Ils sont de haute énergie, de très courte longueur d'onde, très pénétrants et ionisants (Université Batna 2, 2019, chapitre 1)

C'est souvent le premier examen d'imagerie réalisé lorsqu'un cancer du poumon est suspecté. Elle consiste à projeter des rayons X à travers le corps pour créer des images sur une plaque de capture numérique.

La quantité de radiation absorbée varie selon les parties du corps. Celles qui absorbent la plus grande quantité de radiation apparaissent en blanc sur la radiographie. Les parties qui absorbent une quantité plus faible de radiation apparaissent en diverses teintes de gris. Les régions contenant de l'air, comme les poumons, apparaissent en noir. Cela peut aider à visualiser les nodules pulmonaires cancéreux qui apparaissent en blanc ou en gris clair, contrastant avec le tissu pulmonaire sain

Tomodensitométrie thoracique CT

C'est la technique d'imagerie qui permet d'obtenir des images en trois dimensions (3D) du thorax. Elle a le même principe que la Radiographie thoracique sauf que l'appareil émet des rayons X qui tournent autour du patient et permettent d'obtenir l'image en volume 3D de l'ensemble de la zone inspectée. (RespiFIL, s.d.)

Dans le cadre de ce projet, nous utiliserons précisément des images CT 3D, afin de pouvoir développer un modèle d'apprentissage automatique capable d'analyser les structures pulmonaires avec une meilleure précision.

Tomographie par émission de positons (TEP ou PET scan)

Cette technique repose sur l'injection intraveineuse d'une substance qu'on appelle un traceur marqué par un atome radioactif, le fluor 18 ou le carbone 11, qui émet des positons, cela permet de mesurer l'activité des cellules d'un organe ou d'une tumeur (Vidal, s.d.)

2.2.3 Caractéristiques des images médicales

L'image médicale est une représentation d'une structure anatomique ou fonctionnelle de parties du corps humain sous forme d'une matrice de pixels ou de voxels obtenue par une technique d'imagerie, afin de répondre à un besoin médical.

Nous pouvons aussi la définir comme une mesure localisée d'un signal physique d'un objet dans l'espace, généralement en deux dimensions (2D) ou en trois dimensions (3D) (CNP-MN, s.d.)

Une image médicale se caractérise par :

- **Une résolution spatiale** : c'est une valeur qui décrit la capacité à distinguer les points très proches dans l'image. Plus elle est élevée, plus l'image révèle de petits détails. (CNP-MN, s.d.)
- **Un bruit** : c'est un ajout indésirable et aléatoire qui apparaissent dans l'image, il représente la partie variable de l'image, ainsi que l'image idéale représente la partie constante
- **Contraste** : c'est la différence des niveaux de gris au sein de la même image, ce qui permet le diagnostic.
- **Le volume des données** : les images médicales sont très volumineuses, elles occupent une bonne partie de la mémoire. Ces données nécessitent un prétraitement rigoureux, notamment la suppression du bruit, la segmentation et la normalisation.

2.2.4 Prétraitement des images pour l'IA

Le prétraitement des images est l'application d'un ensemble de techniques et méthodes afin d'améliorer la qualité et d'extraire les informations pertinentes des images numériques avant qu'elles ne soient analysées et traitées par des algorithmes spécifiques. (Microblink, s.d.)

Effectuer un prétraitement est très important, il joue un rôle dans l'accélération de l'entraînement sans affecter la performance en réduisant la taille des images.

Il est également nécessaire dans les réseaux de neurones convolutif puisque leurs couches entièrement connectées exigent que toutes les images soient dans des tableaux de même taille

L'objectif principal d'effectuer un prétraitement est d'améliorer les images d'entrée pour améliorer la performance.

- **Nettoyage des données** : ou correction de bruit, un ensemble de techniques qui vise à éliminer les artefacts indésirables. Le filtrage est l'une des techniques importantes en nettoyage. Il existe différentes techniques de filtrage selon le type de bruit

Le nettoyage peut également impliquer de compléter les données manquantes à l'aide de méthodes statistiques ou de supprimer les entrées en double.

- **Normalisation** : c'est une transformation des valeurs des pixels pour qu'elles soient sur la même échelle et assurer l'uniformité, afin de stabiliser l'entraînement des modèles et améliorer la convergence et la performance.
- **Redimensionnement** : c'est une opération qui consiste à modifier la taille d'une image, pour que toutes les images aient la même dimension
- **Augmentation des données** : c'est le processus qui élargit l'ensemble de données en créant des versions modifiées des images, dans le cas d'une insuffisance des données d'entraînement.
- **Rehaussement de contraste** : c'est une technique utilisée pour améliorer la différence entre les zones claires et sombres d'une image afin de faciliter l'interprétation visuelle et la compréhension des images

2.3 Méthodes classiques de Machine Learning dans le diagnostic du cancer du poumon

TABLE 2.1 – Les méthodes de Machine Learning appliquées au diagnostic du cancer du poumon

Etude	Algorithme	Méthode	Dataset	Résultats
Proficiency evaluation of shape and WPT radiomics (Nissar & Mir, 2024)	SVM, Arbres, Arbres ensemblistes, KNN	Extraction formes, Haralick, WPT; sélection Chi-square/ANOVA	LIDC	Accuracy 90,4%, Sens 97,8%, Spec 84%
Comparative Analysis of ML Models for Lung Cancer Detection (Osama et al., 2025)	CNN, RF, SVM	Prétraitement, augmentation, filtrage; split train/val/test 70 :15 :15	995 images CT (Kaggle)	Accuracy : CNN 96%, RF 95%, SVM 98%
ML Radiomics for predicting malignancy grades of LUAD (Zhu et al., 2025)	LR, DT, RF, XGBoost, SVM, KNN, NBM	ROI sur CT, sélection mRMR + LASSO, combiner Rad-score + facteurs clinico-rad	168 patients LUAD	AUC testing : CM 0,920, RM 0,957, COM XGBoost 0,975

ML Radiomics Model for Early Identification of SCLC (Rajesh P. Shah et al., 2021)	SVM, RF, XGBoost, RL	59 caractéristiques Py-Radiomics; sélection MRMR	CT d'un établissement	Groupe A : RF 0,81, SVM 0,77, XGBoost/RL 0,84; Groupe B : RF 0,88, SVM 0,87, XGBoost 0,85, RL 0,81
Predictive accuracy of CT radiomics for LUAD invasiveness (Liu et al., 2023)	6 algorithmes ML	Extraction RadCloud, réduction dimension continue	416 patients LUAD	Groupe train : AUC>0,914, sens 0,87, spec 0,85; Groupe val : AUC0,732, sens 0,70, spec>0,77
Integration of Radiomics and Tumor Biomarkers – ConRad (Brocki, Christopher Chung 2023)	SVM linéaire/non linéaire, LR, RF	Extraction radiomique + biomarqueurs CBM ResNet-50, validation croisée 5 plis	LIDC-IDRI	Précision globale 0,881–0,897

2.3.1 Discussion

Ces travaux se concentrent sur la radiomique pour la détection, la classification et la caractérisation des nodules pulmonaires, une discipline qui transforme les images médicales en données quantitatives. Les études sont basées uniquement sur les caractéristiques d'image, comme l'analyse WPT pour analyser finement les images à plusieurs niveaux de détail.

Les comparaisons CNN–SVM–RF montrent déjà des performances solides, avec des précisions qui dépassent les 95 %. Lorsqu'on ajoute une sélection rigoureuse des caractéristiques (mRMR, LASSO, ²), SVM et XGBoost ressortent régulièrement comme les plus performants.

Les modèles hybrides comme ConRad montrent que combiner radiomique, biomarqueurs et architectures profondes améliore non seulement les performances, mais aussi l'interprétabilité, ce qui est crucial en milieu clinique.

Dans l'ensemble, ces recherches indiquent que la radiomique, surtout lorsqu'elle est couplée à un apprentissage automatique bien cadré, offre une réelle valeur ajoutée pour affiner le diagnostic et guider les décisions thérapeutiques.

2.3.2 Limites des méthodes classiques

- Dépendance à la qualité des caractéristiques extraites manuellement
- Capacité limitée à capturer les relations non linéaires et hiérarchiques
- Les modèles classiques peuvent favoriser la classe majoritaire quand le jeu de données est déséquilibré
- Échouent sur de nouvelles sources et ne peuvent pas généraliser

2.4 Méthodes d'IA appliquées à la détection du cancer du poumon

2.4.1 Réseaux de neurones convolutifs 2D (CNN 2D)

Ce sont une architecture de Deep Learning utilisée pour traiter des images en grille 2D, où les couches convolutives (Conv2D) appliquent des filtres 2D sur l'image. Plusieurs études ont utilisé des CNN 2D afin d'identifier et de classer les nodules pulmonaires sur les images CT.

Etude	Dataset	Algo/méthodes	Résultats
Using 2D CNN with Taguchi Parametric Optimization (Cheng-Jian Lin et al., 2020)	SPIE-AAPM (22 489 TDM), LIDC-IDRI (244 617 TDM)	2D CNN optimisé avec méthode Taguchi, Deep Features + kNN + mRMR	LIDC-IDRI : Accuracy 99,51% ; SPIE-AAPM : Accuracy 99,97%
Deep learning ensemble 2D CNN (Asghar Ali Shah et al., 2023)	LUNA16	Combinaison de trois CNN 2D, ReLU, 70 epochs, décision finale par vote	CNN1 Accuracy 94,07%, CNN2 94,44%, CNN3 94,23%
Comparative Analysis of Deep Learning Methods (Muruvvet Kalikan et al., 2024)	Kaggle CT (>14 000 images)	Modèles pré-entraînés (InceptionResNetV2, InceptionUNet, MobileNetV2, VGG-19), segmentation UNet, SegNet, InceptionUNet	Meilleurs : InceptionResNetV2 Accuracy élevée, InceptionUNet pour segmentation ; MobileNetV2 et VGG-19 moins stables

Optimizing double-layered CNN (M. Mohamed Musthafa et al., 2024)	IQ-OTHNCCD	Double-layer CNN, 64 filtres 3×3, Relu, MaxPooling, SMOTE, Softmax	Accuracy 99,64%, Recall et F1 > 98 %
End-to-End 2D CNN in Cloud (Safdar Ali et al., 2023)	LUNA16	CNN inspiré VGG-16, 5 couches convolutionnelles, ReLU, 25 epochs	Spécificité 98,42%, Sensibilité 68,66%, Accuracy 95 %
LungCancer Detection Using CNN (AdnanShafait Ali et al., 2023)	Kaggle & GitHub (868 CT)	VGG-16, 6 couches convolutionnelles, MaxPooling, ReLU, Softmax, AdaBoost	Accuracy 98–99%, Precision 99%, Recall 98–91%, AUC 0,96–0,98
LCDctCNN (Muntasir Mamun et al., 2023)	Kaggle (967 CT)	CNN personnalisé (3 couches convolutionnelles), epochs 50, comparaison ResNet-50, Inception V3, Xception	CNN personnalisé Accuracy 92%, Recall 91,72%; ResNet-50 Accuracy 84,13%; Inception V3 Accuracy 82,07%; Xception 82,10%
Enhancing Lung Nodule Classification : A Novel CViEBi-CBGWO Approach with Integrated Image Preprocessing (Manikandan J. Jayashree K., 2024)	LUNA16, LIDC-IDRI	Fusion CNN + ViT pour extraction caractéristiques, classification avec EBiLSTM, optimisation hyperparamètres CBGWO	Précision : 98,72%
Using Deep Learning for Classification of Lung Nodules on Computed Tomography Images (QingZeng Song et al., 2017)	LIDC-IDRI	CNN, DNN, SAE pour classification des nodules	CNN : Accuracy 84,15%, Sensibilité 83,96%, Spécificité 84,32%

Convolutional Neural Network ensembles for accurate lung nodule malignancy prediction 2 years in the future (Rahul Paul et al., 2020)	NLST	Trois CNN, 100 epochs, 7 initialisations aléatoires	Accuracy maximale 90,29%, AUC 0,96
---	------	---	------------------------------------

2.4.2 Discussion

Les différents travaux ont étudié la classification ou la détection de nodules pulmonaires à partir d'images CT en adoptant des stratégies différentes.

Le premier travail utilise un CNN 2D optimisé par la méthode de Taguchi, mettant l'accent sur l'optimisation paramétrique. Cette approche cherche à trouver la meilleure configuration possible du réseau. Le but est de montrer qu'un réseau simple peut atteindre des performances extrêmement élevées si ses hyperparamètres sont correctement choisis.

L'étude sur le Deep Ensemble de CNN 2D empile trois architectures différentes. Chaque CNN voit le monde à sa manière, et la combinaison de leurs prédictions améliore la robustesse globale. Les performances individuelles restent modestes (94 %), mais l'ensemble améliore la robustesse globale. Cette approche montre que la diversité des modèles peut compenser les faiblesses d'un réseau unique. Cette stratégie est utile lorsque les données sont limitées, comme dans LUNA16.

L'étude comparative des architectures pré-entraînées et des modèles de segmentation est basée sur le transfert de connaissances. Elle insiste sur le prétraitement et l'augmentation des données, qui sont aussi importants que le choix du modèle. Elle montre que la segmentation renforce la classification en ciblant précisément la zone tumorale, réduisant le bruit. L'étude rappelle aussi qu'une architecture populaire n'est pas toujours adaptée à toutes les modalités d'imagerie.

Le CNN à double couche optimisée, construit spécialement pour le dataset IQ-OTHNCCD, adopte la stratégie de personnalisation en fabriquant un réseau sur mesure et en effectuant un prétraitement puissant via SMOTE pour rééquilibrer les classes.

Le travail basé sur AdaBoost avec un CNN dérivé de VGG-16 transforme plusieurs CNN faibles en un modèle fort via AdaBoost. Les performances obtenues montrent que des techniques hybrides peuvent être très compétitives, surtout avec des datasets de taille modérée

2.4.3 Réseaux de neurones convolutifs 3D (CNN 3D)

Etude	Dataset	Méthode	Résultats
-------	---------	---------	-----------

TiCNet : Transformer in CNN for Pulmonary Nodule Detection (Ling Ma et al., 2024)	LUNA16 et PN9	CNN 3D + Transformer Encoder-Decoder + détecteur à deux têtes	Sensibilité >93%, FP/scan <11, détection efficace des petits, moyens et grands nodules
Deep Learning in CT Images : Automated Pulmonary Nodule Detection (CAD) (Xu YM et al., 2019)	1109 patients, CT thoracique 1 mm	CNN 3D en deux phases : détection de candidats + réduction de FP, pré-entraînement LUNA16 + ré-entraînement expert	Avant ré-entraînement : sensibilité 38,44%, FP/scan 0,68 ; Après ré-entraînement : sensibilité 93,09%, FP/scan 1,64
Comparing CNN-based and Transformer-based models (Lulu Gai et al., 2023)	212 cas (130 malins, 82 bénins)	CNN 3D (EfficientNet3D-b0) vs Transformer DeiT-S (ViT), transfer learning, SSL, SAM	CNN 3D AUC jusqu'à 98,1%, DeiT-S AUC 95,7%, ViT plus interprétable
A Comparative Study : 3D CNN vs Vision Transformer (Sholy Putri Fauzya et al., 2024)	LUNA16	3D CNN vs 3D ViT	CNN 3D meilleur : précision 84%, sensibilité 95%, spécificité 90%, FP=40

2.4.4 Discussion

Ces travaux explorent la détection des nodules pulmonaires sur images CT en s'appuyant sur deux approches : les 3D CNN classiques et les Vision Transformers (ViT), ainsi que des architectures hybrides de type CNN+Transformer comme TiCNet.

Nous remarquons que sur les petits datasets médicaux typiques (LUNA16), les 3D CNN restent dominants en termes de performance, stabilité de l'entraînement et gestion des faux positifs.

L'étude sur TiCNet montre que le mélange entre le CNN 3D, qui permet d'extraire les détails locaux, et le Transformer, qui saisit le contexte global, a permis d'atteindre une sensibilité >93 % avec un taux de faux positifs encore raisonnable, tout en restant

performant sur les petits nodules.

Dans l'étude *Deep Learning in CT Images : Automated Pulmonary Nodule Detection (CAD)*, avec 1109 patients, il a été montré qu'un modèle entraîné uniquement sur LUNA16 ne généralise pas. Mais une fois réentraîné avec des annotations expertes variées, la sensibilité augmente, ce qui a confirmé que la taille et la diversité du dataset sont plus déterminantes que le choix CNN vs Transformer. Ainsi, la supervision humaine reste indispensable.

L'étude *Comparing CNN-based and Transformer-based models* montre que les Vision Transformers sont puissants, mais seulement lorsqu'ils disposent de données abondantes et d'un pré-entraînement massif. La différence d'AUC (95 % vs 89 %) illustre la difficulté des ViTs à apprendre des motifs locaux. Même avec du self-supervised learning ou du SAM, les Transformers ne dépassent pas réellement les CNN. Cependant, ils offrent une meilleure interprétabilité via les cartes d'attention.

2.4.5 Modèles hybrides et architectures récentes

Etude	Dataset	Algo/méthode	Résultat
A 2D–3D hybrid CNN for lung lobe auto-segmentation (Hengle Gu et al., 2021)	105 patients NSCLC localement avancé	CNN hybride 2D–3D : 3D CNN (contextes volumétriques) + 2D CNN (textures, bords), fusion 2D–3D	Précision >99%, Sensibilité 92–98%, Spécificité 99–99,8%
Automatic segmentation of lung tumors on CT images based on a 2D & 3D hybrid CNN (Wutian Gan et al., 2022)	260 patients	CNN hybride 2D & 3D : CNN 2D (détails contours) + CNN 3D (contexte volumétrique)	Dice 0,72 ± 0,10, Jaccard 0,58 ± 0,13, HD 21,73 ± 13,30 mm, surpasse CNN 2D et 3D seuls (p<0,001)
A Hybrid CNN-Transformer Model for Predicting N Staging and Survival in NSCLC (Lingfei Wang et al., 2024)	422 patients NSCLC (adénocarcinome, SCC, grandes cellules)	CNN 3D ResNet + Transformer, fusion caractéristique par concaténation + convolution 1×1	ACC : train 0,805, validation 0,828, test 0,819, AUC >0,8
Transfer Learning vs Fine-Tuning in Bilinear CNN (Rekka Mastouri et al., 2020)	LIDC-IDRI via LUNA16, 888 scans	Bilinear CNN (2 flux VGG16), TL et FT	FT : ACC 91,21%, Sens 95,7%, Spec 83,5%; TL : ACC 85,5%, Sens 91,7%, Spec 75,1%

Comparison CNNs vs Transformers for NSCLC recurrence (Anarita Fanizzi et al., 2023)	144 patients NSCLC-Radiogenomics	CNNs (ResNet50, DenseNet201, InceptionV3) vs Transformers (ViT, PVT, Swin)	InceptionV3 : ACC 0,89, Sens 0,85, Spec 0,90, AUC 0,91 ; PVT-B1 : ACC 0,86, Sens 0,81, Spec 0,89, AUC 0,90
Lung Cancer Prediction using CNN & Transformer (Abinaya K et al., 2024)	NLST	CNN local + Transformer global	Précision 93,2%, Recall 91,7%, F1-score 92,4%

2.4.6 Discussion

Ces travaux montrent qu’aucune architecture unique ne suffit à capturer toute la richesse et la complexité des images thoraciques en CT. C’est ce qui justifie l’importance d’architectures hybrides. Le premier travail utilisant un hybride 2D–3D pour la segmentation automatique des lobes pulmonaires démontre que fusionner les détails fins des coupes 2D avec le contexte volumétrique 3D permet de stabiliser fortement la segmentation.

Les CNN 3D et les Transformers, dans cette combinaison, capturent les relations globales dans le volume, ce qui est pertinent pour les ganglions lymphatiques, dont la classification dépend autant de leur forme individuelle que de leur position dans l’anatomie pulmonaire. Le modèle hybride dépasse les architectures isolées comme ResNet ou ViT, avec une précision supérieure à 0,80 sur tous les ensembles. Cette étude a montré que les Transformers complètent les CNN.

Le travail comparant Transfer Learning et Fine-Tuning dans un Bilinear CNN montre que la fusion des caractéristiques de deux flux CNN via un pooling bilinéaire, mettant en relation chaque canal de caractéristiques avec tous les autres via un produit externe, génère un descripteur extrêmement riche. Le fine-tuning surpasse nettement le transfer learning simple, montrant que l’adaptation des couches profondes est cruciale. Les différences de spécificité (83,5 % vs 75,1 %) montrent que le réseau affine mieux les frontières entre nodules vrais et structures similaires lorsqu’il réapprend sur le domaine.

2.4.7 Les Transformers et ViT

Définition

Un transformer est un type d’architecture de réseau neuronal conçue pour traiter des données séquentielles telles que les images. Son architecture repose sur :

- **Un encodeur** qui reçoit en entrée une séquence de tokens représentant des pixels. Le token est converti en un vecteur via une étape appelée embedding.

- **Un décodeur** qui utilise les représentations fournies par l’encodeur pour générer une image comme séquence de sortie.

Un transformateur de vision (ViT) est une architecture qui applique les principes du modèle Transformer original directement à des séquences d’images. Il a été proposé comme alternative à la méthode standard des CNN pour les tâches visuelles. Alors que les CNN traitent les pixels à l’aide de filtres locaux, les ViT traitent une image comme une séquence de taches de taille fixe.

Les travaux existants sur les transformers et les ViT

Etude	Dataset	Méthode	Résultats
Lung Nodule-SSM : Self-Supervised Lung Nodule Detection and Classification (Noreen, M., & Shaukat, F. 2022)	LUNA16	DINOv2 ViT-L/14 pré-entraîné, fine-tuning, classification nodule vs non-nodule et détection bounding box	Précision élevée, moins de paramètres entraînaibles que CNN classiques
S3TU-Net : Structured Conv + Superpixel Transformer (Yuke Wu et al., 2024)	LIDC-IDRI	Hybride CNN (DWF-Conv + D2BR-Conv) + Transformer RM-SViT, fusion S2-MLP	DSC 89,04%, Précision 90,73%, mIoU 90,70%, Sensibilité 93,70%
Harnessing Transformers : Lung Cancer Detection (Amine Bechar et al., 2023)	25 000 images poumon & colon	ViT pré-entraîné sur ImageNet, fine-tuning, patch embedding + MLP	Accuracy 94,71% pour le poumon, meilleure robustesse que CNN classiques
Advanced Lung Nodule Segmentation with SAM + Transfer Learning (Asha V et al., 2024)	LUNA16	SAM (ViT pré-entraîné) pour segmentation + MobileNetV2 pour classification	Segmentation : DSC 97,08%, IoU 95,6%, Sens 97,85%, PPV 98,1% ; Classification : Accuracy 96,71%
Cross-ViT for benign/malignant classification (Qinfang Zhu, Liangyan Fei, 2025)	LUNA16	Cross-ViT : CNN ResNet50 (local) + ViT (global), fusion CFA, classification finale	Accuracy 91,04%, Precision 91,42%, Recall 92,45%, F1-score 91,92%

Integrating ViT and ML for lung nodule classification (Yanyan Huang et al., 2025)	435 patients	ViT end-to-end + CNN embedding, pipeline d'extraction de caractéristiques, radiomique	Train : ACC 94%, Sens 93%, AUC 96%; Test interne : ACC 92%, Sens 91%, AUC 93%; Test externe : ACC 91%, Sens 90%, AUC 92%
Lung nodule detection in chest CT images based on vision transformer network with Bayesian optimization (Hassan Mkindu et al., 2023)	LUNA16 (888 scans, 1010 patients)	3D-NodViT (ViT 3D) + 3D RPN + Bayesian Optimization	Sensibilité 98,39%, CPM 0,909; moins de paramètres que CNN profonds; robuste et efficace
Accurate classification of lung nodules on CT images using TransUnet (Hongfeng Wang et al., 2022)	LIDC-IDRI (8,474 images : 3,259 bénins, 5,215 malins)	TransUnet : Transformer encoder + Unet decoder, GAP, cross-entropy loss, SGD, learning rate 0.0001	Test set : Accuracy 84,62%, Sensitivity 70,92%, Specificity 93,17%, AUC 0,862; Training set : Accuracy 87,90%
EfficientFormerV2-S2 dual-output for lung nodule classification (Menna Allah Mahmoud et al., 2025)	Institution 1 : 936 images, Institution 2 : 280 images, Zenodo : 308 images	EfficientFormerV2-S2 (hybride CNN-Transformer, 4 stages + DDM blocks) + dual-head classification, augmentation, AdamW	Test accuracy I1 : 92,62%, AUC 98,42%; I2 : 97,14%, AUC 99,87%; Zenodo : 95,74%, AUC 98,59%; tête auxiliaire améliore stabilité

Enhanced pulmonary nodule detection with U-Net, YOLOv8, and Swin Transformer (Xing Wang et al., 2025)	LUNA16 : 888 scans; Tianjin Chest Hospital : 308 scans	U-Net (segmentation) + YOLOv8s + Swin Transformer + Shape-aware IoU	LUNA16 : precision 0,898, recall 0,851, mAP50 0,879; Tianjin : precision 0,855, recall 0,872, mAP50 0,862
Unsupervised Contrastive Learning based Transformer for Lung Nodule Detection (Niu, C., & Wang, G. 2022)	LIDC-IDRI / LUNA16 / LUNGx	3D Transformer adapté + Region-based Contrastive Learning (URC-Trans)	CPM 0.950 sur test, CPM 0.916 sur LUNGx, meilleure sensibilité même 1 FP/scan

2.4.8 Discussion

Ces travaux montrent que les recherches récentes sur les nodules pulmonaires peuvent adopter les Transformers, les ViT, ainsi que des combinaisons de ces modèles avec des CNN classiques.

Lung Nodule-SSM, une étude qui utilise un ViT-L/14 pré-entraîné (DINOv2), a pour objectif de tirer parti de l'auto-apprentissage pour détecter les nodules et classifier nodule vs non-nodule. Ce qui est intéressant dans cette étude, c'est que le modèle a moins de paramètres entraînaibles qu'un CNN classique tout en atteignant une grande précision, ce qui est important dans les images médicales où l'on dispose souvent de peu de données annotées.

Le S3TU-Net combine des convolutions structurées (DWF-Conv et D2BR-Conv) avec un Transformer RM-SViT. Cette approche hybride permet de capturer à la fois les caractéristiques locales et globales de l'image. Les résultats montrent que la fusion CNN + Transformer est très efficace pour segmenter les nodules et atteindre une bonne performance globale.

Harnessing Transformers s'intéresse à la classification des nodules sur un dataset combiné poumon et côlon de 25 000 images. Ici, le ViT pré-entraîné sur ImageNet est fine-tuné pour la tâche. Le point clé est que le Transformer, même avec un patch embedding simple, dépasse les CNN classiques en robustesse, avec une précision de 94,7 % pour le poumon.

La segmentation avancée avec SAM + Transfer Learning montre une approche plus « pipeline » : SAM (un ViT pré-entraîné) pour la segmentation et MobileNetV2 pour la classification. Les métriques sont très élevées, avec DSC 97 %, IoU 95,6 %, sensibilité 97,85 %, et précision 98,1 % pour la segmentation, et une accuracy de 96,7 % pour la classification. Ici, la combinaison segmentation + classification permet de découpler les tâches, ce qui améliore la précision finale.

Le modèle Cross-ViT est intéressant car il combine un ResNet50 local pour les détails

et un ViT global pour le contexte. La fusion via CFA puis la classification finale donnent une accuracy de 91 %, avec un F1-score proche de 92 %. Cela montre que mixer local et global dans un Transformer peut stabiliser la performance.

L'intégration ViT + Machine Learning montre un pipeline qui combine ViT end-to-end avec des embeddings CNN et de la radiomique pour l'extraction de caractéristiques. Les performances restent solides sur train, test interne et test externe (accuracy 91–94 %, AUC 92–96 %), montrant que les Transformers peuvent être intégrés dans des workflows médicaux complexes avec d'autres modèles d'analyse de features.

Le travail 3D-NodViT avec Bayesian Optimization est particulier pour la détection volumique dans des scans 3D. La sensibilité est élevée (98,39 %) et le CPM de 0,909, tout en ayant moins de paramètres que les CNN profonds classiques. La particularité est l'utilisation de l'optimisation bayésienne, qui permet de trouver les meilleurs hyperparamètres sans essai-erreur massif.

Le modèle TransUnet combine un encoder Transformer et un decoder Unet. Les performances sont un peu plus basses que les précédentes pour la sensibilité (70,9 %) mais restent correctes pour la classification globale (accuracy 84,6 %, AUC 0,862). L'avantage ici est l'architecture end-to-end, capable à la fois de segmenter et de classer les nodules.

EfficientFormerV2-S2 montre l'intérêt des architectures hybrides multi-stage avec dual-head output. Les résultats sont excellents : accuracy 92–97 %, AUC 98–99 %. La tête auxiliaire améliore la stabilité et la généralisation, un point important pour l'usage clinique.

Enfin, les approches récentes comme U-Net + YOLOv8 + Swin Transformer ou URC-Trans utilisent des Transformers avec apprentissage contrastif ou shape-aware IoU pour la détection fine. Les CPM atteignent 0,950 sur LIDC-IDRI et 0,916 sur LUNGx, ce qui est extrêmement performant pour des nodules rares. URCTrans, avec son apprentissage contrastif non supervisé, est capable de détecter même 1 faux positif par scan.

2.5 Évaluation des performances des modèles

C'est une étape cruciale qui doit être réalisée après chaque entraînement afin de mesurer dans quelle mesure un modèle prédit correctement les résultats attendus. L'objectif est de savoir si le modèle est fiable et généralisable. Évaluer un modèle est également nécessaire pour effectuer des comparaisons entre différents modèles. Pour cela, on utilise plusieurs critères de performance, appelés métriques, tels que :

- **Sensibilité** : capacité à détecter correctement les positifs.
- **Spécificité** : capacité à détecter correctement les négatifs.
- **Taux de mauvaises classifications** : proportion d'erreurs globales.
- **AUC (Area Under Curve)** : surface sous la courbe ROC, mesure globale de discrimination.

2.5.1 Méthodes de validation

Validation externe

Ce type de validation est construit sur le jeu de données indépendant afin de pouvoir estimer les capacités discriminantes de la règle de décision.

Validation interne

Ce type de validation appelée validation croisée, est utilisée lorsque la validation externe est impossible. L'ensemble initial est divisé en plusieurs sous-ensembles (folds). Le modèle est entraîné sur certains folds et testé sur les folds restants. (Gal, 2019)

2.6 Limites et perspectives

2.6.1 Limites des méthodes actuelles

- **Manque des données, et la diversité des données**

La collecte des données médicale peut être difficile vu que ce type de données est sensible soumise à des contraintes strictes de confidentialité. Collecter une base de données volumineuse peut également être couteux surtout en termes de temps et ressources humaines, les données proviennent souvent de plusieurs sources ce qui rend la base de données hétérogène.

- **La rareté des cas malade et la non annotation ce qui peut causer un déséquilibre des classes**

L'annotation nécessite absolument un expert humain, ce qui long. comme conséquence les classes de la base de données sont déséquilibrées, souvent une majorité pour les cas sains, cela peut entrainer des faux positifs.

- **Interprétabilité limitée**

Les réseaux de neurones profonds sont se types boîte noire, un clinicien ne peut pas comprendre les résultats obtenus, ce qui rend l'explicabilité et l'interprétabilité un défi pour lui.

- **La sensibilité des modèles**

Les performances peuvent être perturbée facilement, même à cause d'un petit bruit, qui survient souvent de variations dans l'acquisition de l'image.

2.6.2 Défis et problématiques à résoudre

- **Garantir que les modèles soient généralisables** : Les modèles doivent être fonctionnelles même sur des nouveaux ensembles des données.
- **Réduction des faux positifs et faux négatifs** : Ce sont les fausses alarmes, provient d'un déséquilibre de jeu de données d'entraînement.
- **Explicabilité et interprétabilité** : les modèles doivent être compréhensibles pour donner la possibilité aux équipes médicales d'expliquer et interpréter les résultats, pour assurer la fiabilité.

- **Intégration multimodale** : combiner différentes sources d'information, différents types de données pour enrichir le dataset mais cela pose des défis de représentation et de format des données.

2.7 Conclusion

A travers ce chapitre, nous avons pu explorer l'état de l'art des techniques d'intelligence artificielle et leur application croissante dans le domaine de l'imagerie médicale. L'imagerie médicale constituant un pilier central du parcours de soin, l'intégration de l'IA dans ce domaine a considérablement amélioré les capacités de détection précoce, de classification précise et de suivi longitudinal du cancer du poumon.

Bien que les méthodes classiques de Machine Learning aient permis de poser les bases de la radiomique, le Deep Learning et notamment les réseaux de neurones convolutifs (CNN) s'impose aujourd'hui comme un outil puissant pour l'analyse d'images complexes. Ces architectures sont capables d'extraire automatiquement des caractéristiques pertinentes et d'optimiser la précision des modèles, surpassant ainsi certaines limites des approches traditionnelles.

Cependant, ces avancées s'accompagnent de défis persistants, notamment en ce qui concerne les besoins massifs en données annotées et en ressources computationnelles, ainsi que la nécessité d'une meilleure interprétabilité des décisions prises par ces modèles. L'intégration de l'IA dans l'oncologie thoracique représente un levier technologique indispensable pour assister les cliniciens dans leurs décisions thérapeutiques.

Chapitre 3

Méthodologie et modèle proposé

3.1 Introduction

La détection précoce des nodules pulmonaires constitue un défi majeur en radiologie. Ces anomalies peuvent être très petites et difficiles à distinguer du tissu pulmonaire normal, surtout dans les premiers stades du cancer. Une identification rapide et fiable des nodules est cruciale pour améliorer les traitements et réduire la mortalité.

Dans ce chapitre, nous allons présenter la conception et la mise en œuvre du système de détection précoce des nodules pulmonaires cancéreux à partir de scanners CT. L'objectif principal de ce système est d'avoir un diagnostic plus précis et un suivi médical optimal afin qu'il puisse assister les radiologues en identifiant rapidement les anomalies pulmonaires.

La méthodologie adoptée repose sur l'apprentissage profond appliqué à l'imagerie médicale, exploitant la richesse des volumes CT pour détecter des structures subtiles telles que les nodules pulmonaires. Cette approche est basée sur un apprentissage automatique supervisé à partir des annotations disponibles, afin de maximiser la précision de détection, et la fiabilité du système.

Le chapitre est structuré de manière à détailler successivement les différentes étapes du développement : la préparation et le prétraitement des données, la conception et l'architecture des modèles d'apprentissage profond, les techniques d'entraînement et de validation, ainsi que l'évaluation finale de la performance du système sur des jeux de données indépendants. Cette structuration permet de fournir une vue complète du processus de développement, tout en justifiant les choix techniques.

3.2 Analyse du problème

3.2.1 Problématique

La principale problématique réside dans la difficulté de détecter des nodules de petite taille, souvent de quelques millimètres. Les radiologues doivent analyser de grandes quantités de volumes CT 3D, ce qui peut entraîner des erreurs d'interprétation, notamment de faux négatifs ou de faux positifs. Le système que nous proposons vise à assister les

professionnels de santé, en offrant un outil capable de repérer automatiquement les zones suspectes tout en minimisant les erreurs de détection.

3.2.2 Contraintes médicales

Une contrainte médicale est l'ensemble des obligations qui doivent être respectées lors de la conception, de l'utilisation ou de l'évaluation d'un système médical, afin de garantir la sécurité du patient et la fiabilité clinique. Dans la conception d'un système de détection automatique de nodules pulmonaires nous prenons en compte plusieurs contraintes spécifiques :

- **Taille des nodules** : Les nodules pulmonaires peuvent avoir des diamètres très réduits, parfois inférieurs à 5 millimètres. Ces petites structures sont souvent difficiles à distinguer du tissu pulmonaire normal ou d'autres structures anatomiques, ce qui augmente le risque de faux négatifs.
- **Variabilité inter-patients** : La forme des nodules, la densité et même la localisation dans les poumons varient considérablement d'un patient à l'autre. Cette hétérogénéité rend l'apprentissage automatique plus complexe, car le modèle doit être capable de généraliser sur des cas très divers.
- **Faux positifs et faux négatifs** : Une détection incorrecte peut avoir des conséquences cliniques importantes. Les **faux positifs** peuvent entraîner des examens supplémentaires inutiles, générant le stress et l'anxiété pour le patient, ainsi qu'une surcharge de travail pour le radiologue. En revanche, les **faux négatifs** peuvent retarder le diagnostic du cancer, réduisant les chances de traitement efficace. L'équilibre entre sensibilité et spécificité constitue une exigence fondamentale du système.

3.2.3 Contraintes techniques

Les contraintes techniques regroupent l'ensemble des limitations liées aux ressources matérielles, logiciels et aux caractéristiques des données, qui peuvent influencer la conception, l'entraînement et les performances du système proposé. La mise en œuvre d'un système de détection automatique de nodules pulmonaires à partir de scanners CT implique de relever plusieurs défis techniques liés à la nature des données et aux exigences cliniques :

- **Qualité des images CT** : La précision de la détection dépend fortement de la qualité des images acquises. Les scanners peuvent produire des images avec des résolutions différentes, des niveaux de bruit variables ou un contraste insuffisant entre les tissus sains et pathologiques. Les images mal calibrées ou présentant des artefacts peuvent réduire la capacité du système à identifier les anomalies subtiles, notamment les petits nodules ou les nodules à faible densité. Il est donc crucial d'intégrer des techniques de prétraitement et de normalisation pour standardiser les images avant l'analyse.
- **Volume des données** : Les scanners CT génèrent des volumes 3D contenant plusieurs centaines de slices par patient, ce qui représente un volume de données considérable pour chaque étude. Le stockage, la gestion et le traitement de ces données nécessitent des ressources informatiques importantes, notamment en termes de mémoire et de capacité de calcul. De plus, pour entraîner un modèle d'apprentissage

profond robuste, il faut disposer d'un grand nombre de scans annotés, ce qui multiplie encore les besoins en infrastructure.

- **Temps de calcul** : Dans un cadre clinique, il est essentiel que le système fournisse des résultats rapidement. Un temps de traitement trop long limiterait l'adoption du système par les radiologues et réduirait son utilité pour la détection précoce. Il est donc nécessaire d'optimiser les algorithmes, d'utiliser des architectures efficaces et éventuellement de recourir à des accélérations matérielles (GPU, calcul parallèle) afin de garantir un traitement des volumes CT en temps raisonnable.

3.2.4 Objectifs fonctionnels

Les objectifs fonctionnels répondent à quoi fait le système ? Ils décrivent ce que le système doit accomplir, i.e. les tâches qu'il doit fournir pour répondre aux besoins des utilisateurs. Le système de détection précoce des nodules pulmonaires doit remplir plusieurs objectifs fonctionnels essentiels pour être efficace et utile dans un contexte clinique :

- **Détection automatique des nodules** : Le système doit être capable d'identifier de manière autonome toutes les structures suspectes présentes dans les volumes CT. Cela inclut la localisation précise des nodules, leur segmentation et éventuellement leur classification selon leur taille, forme ou densité. L'objectif est de réduire le risque que de petites anomalies passent inaperçues et d'accélérer l'analyse des scans volumineux par le radiologue.
- **Aide au diagnostic** : Le système n'est pas là pour remplacer le radiologue, mais à servir d'outil d'assistance. Il fournit des repères visuels, des alertes sur les zones suspectes et des mesures quantitatives (taille des nodules, volume, densité) qui permettent au professionnel de santé de prendre des décisions plus rapides et éclairées. Ce soutien est particulièrement précieux pour les cas complexes ou lorsqu'un grand nombre de scans doit être analysé dans un délai limité.
- **Traçabilité et visualisation** : Le système doit permettre au radiologue de visualiser les zones détectées dans le contexte de l'ensemble du volume CT. Les résultats doivent être présentés de manière claire et interprétable, avec des annotations ou des masques sur les slices correspondants, afin de faciliter la vérification et la validation humaine.

3.2.5 Objectifs non fonctionnels

Les objectifs non fonctionnels répondent à la question : comment le système le fait ? Ils décrivent les critères de qualité du système, i.e. comment le système doit fonctionner, sans concerner directement les tâches qu'il réalise. Les objectifs non fonctionnels définissent les critères de qualité et de performance du système, au-delà de ses fonctionnalités principales :

- **Précision** : Le système doit minimiser les erreurs de détection et de classification des nodules, afin de garantir une fiabilité clinique élevée. Une haute précision permet de réduire le nombre de faux positifs (zones incorrectement signalées comme suspectes) et de faux négatifs (nodules non détectés), ce qui est crucial pour la sécurité du patient et la confiance des radiologues dans l'outil.

- **Robustesse** : Le système doit maintenir une performance stable même lorsque la qualité des images varie, que ce soit en termes de résolution, de contraste ou de niveau de bruit. Il doit également gérer les différences entre scanners et protocoles d’acquisition, ainsi que les variations anatomiques entre patients, pour rester efficace dans des conditions réelles et hétérogènes.
- **Scalabilité** : Le système doit être capable de traiter de grandes quantités de données volumineuses, typiques des scanners CT 3D, sans dégradation significative des performances. Il doit également pouvoir être facilement déployé dans différents environnements cliniques, allant des petits cabinets radiologiques aux centres hospitaliers disposant de serveurs puissants, tout en conservant rapidité et efficacité.
- **Interopérabilité et maintenabilité** : Bien que moins directement liée à la détection, le système doit permettre une intégration aisée avec les logiciels existants de gestion d’images médicales et être facile à maintenir et à mettre à jour pour s’adapter aux évolutions technologiques et aux nouvelles données cliniques

3.3 Présentation des bases de données utilisée

Dans cette section, nous présentons les bases de données qui ont servi de support pour la conception et l’implémentation du système de détection des nodules pulmonaires.

Pour garantir la capacité de généralisation, nous avons choisi de travailler avec deux bases de données complémentaires.

3.3.1 RadGenome-Chest CT

RadGenome-Chest CT est présenté dans l’article "*Development of a large-scale grounded vision-language dataset for chest CT analysis*", publié dans la revue Scientific Data le 10 octobre 2025. C’est une base de données publique, complète et multimodale, dédiée à l’interprétation des scanners thoraciques CT 3D, construite à partir de CT-RATE. Elle regroupe plus de 25 692 volumes CT 3D provenant de 20 000 patients.

Cette base a été développée dans le cadre de la recherche sur les modèles fondamentaux multimodaux en imagerie médicale. Elle répond au besoin de disposer de grandes collections d’images annotées avec précision, permettant de former des modèles capables de lier des régions anatomiques spécifiques à des descriptions textuelles médicales, ce qui constitue un progrès majeur par rapport aux bases ne fournissant que des rapports globaux.

RadGenome-Chest CT est une très grande base de données, c’est la raison pour laquelle ce travail se concentre sur une sous-partie représentative du jeu de données. Cette approche permet de réaliser des expérimentations approfondies, tout en respectant les contraintes de calcul et de temps, sans compromettre la validité méthodologique de l’analyse proposée.

Justification du choix

Le choix de la base *RadGenome-Chest CT* n’est pas aléatoire, mais il repose sur plusieurs raisons, parmi lesquelles on mentionne :

- Les données sont réelles et cliniquement validées, ce qui renforce la fiabilité de l'étude.
- Elles sont adaptées à la détection des nodules, avec des annotations précises qui facilitent l'entraînement d'algorithmes d'apprentissage profond.
- La base est utilisée dans la littérature scientifique, ce qui permet de comparer les résultats avec ceux d'études existantes et de valider l'approche méthodologique.

Structure et contenu de la base

- **Type de données** : volumes CT (scanner) de patients avec pathologies thoraciques et cardiaques. Les scans sont stockés en .npz, tableaux **3D (slices, height, width)**, avec les labels pour la classification.
- **Volumes CT** : 252 volumes

Dans notre projet nous avons utilisé 252 volumes 3D disponible. Ce choix est imposé par les contraintes de capacité mémoire (RAM/VRAM) de notre infrastructure de calcul, lesquelles limitent le traitement de volumes 3D haute résolution. Pour constituer cet échantillon, nous avons procédé à un tirage aléatoire au sein de la base de données. Bien que cette méthode permette une sélection objective, elle peut introduire un biais de sélection limitant la représentativité clinique par rapport à la base exhaustive.

- **Labels CSV** : qui contient toutes les pathologies détectées pour chaque scan, parfois avec localisation.

Contenu des labels a) Pathologies

- **Total pathologies uniques avec localisation** : 4368
- **Les pathologies les plus fréquentes** :

```

nodule*lung 1723
nodule*right 1335
nodule*right_lung 1323
coronary_artery_disease*heart 1206
opacity*lung 1197
calcification*heart 1189
nodule*left_lung 1148
nodule*left 1130
opacity*right_lung 828
opacity*left_lung 776

```

b) Format du CSV

- Chaque ligne représente un scan (StudyInstanceUID)
- Colonnes représentent les pathologies, parfois combinées avec localisation

Dans le cadre de cette étude, nous avons défini une stratégie de labellisation binaire basée filtrage des étiquettes selon des mots-clés spécifiques. La classe positive (label 1) a été définie par la présence simultanée des termes « nodule », « poumon » ou « masse »,

tandis que la classe négative (label 0) regroupe les cas ne répondant pas à ces critères, les cas sains ou toute autre pathologie non pulmonaire.

- **Label 1 (Positif)** : Présence des termes « nodule », « poumon » ou « masse ».
- **Label 0 (Négatif)** : Absence de ces termes.

3.3.2 Luna 16

Lung Nodule Analysis 2016 (Luna 16), est un sous-ensemble filtré et nettoyé du dataset LIDC-IDRI destiné à la détection automatique des nodules pulmonaires.

Elle contient uniquement les nodules pulmonaires d’au moins 3 mm de diamètre, toute en éliminant les scans avec des coupes trop épaisses.

Elle contient 888 volumes 3D, avec 227225 coupes 2D (slices) et 1 186 nodules annotés par des radiologues.

Dans notre projet on a utilisé 534 volumes 3D disponible dans une base de données kaggle qui regroupe cinq subsets.

Elle contient deux fichiers CSV :

- **annotations.csv** : C’est la liste des vrais nodules qui ont été validés par des experts. Ces annotations ont pour but d’apprendre au modèle ce qu’est un vrai nodule.
- **candidates_V2.csv** : C’est une liste de zones suspectes détectées automatiquement par un algorithme. Ce fichier combine à la fois des vrais positifs et des faux positifs (des taches qui ressemblent à des nodules mais n’en sont pas).

Pour cette étude, nous avons opté pour une approche de détection directe utilisant uniquement les annotations certifiées. Pour que notre modèle puisse apprendre à localiser les nodules directement à partir de la vérité terrain. Cette stratégie permet de :

- Réduire la complexité du pipeline d’entraînement et d’éviter la dépendance aux erreurs de détection d’un algorithme de proposition préliminaire.
- Réduction des biais
- Forcer le modèle à apprendre c’est quoi un nodule sans aide extérieure.

3.4 Prétraitement des données

Le prétraitement des données est une étape indispensable qui vise à améliorer la qualité d’apprentissage. Les images CT proviennent de scanners différents et de protocoles d’acquisition variés ce qui entraîne des différences de résolution, de contraste et d’intensité. Le prétraitement permet de **standardiser les données**, afin que le modèle apprenne des caractéristiques comparables d’un patient à l’autre.

En outre, ces données ne sont pas directement exploitables par un modèle d’apprentissage profond. Sans l’étape de prétraitement et du nettoyage le modèle risque d’avoir une mauvaise qualité d’apprentissage ce qui peut conduire à des résultats peu fiables lors

de la détection des nodules pulmonaires. La suppression du bruit permet d'améliorer la précision de la détection, surtout pour les nodules de petite taille.

Dans notre approche, nous privilégions cinq classes de pré traitement provenant juste après une étape de filtrage et de nettoyage des données pour garder les volumes réel et éliminer les images vides ou binaires (image noir ou image blanche), en calculant l'écart type.

3.4.1 Pré-traitement Spatial

- **Extraction par patches** : nous avons converti les volumes 3D issues de Luna et Rad en séries d'images 2D multi-canaux (2.5D) en utilisant deux extracteurs distincts, afin de pouvoir utiliser des modèles de vision par ordinateur pré-entraînés.
- **Extraction LUNA16** : nous avons utilisé les coordonnées (X, Y, Z) fournies dans le fichier d'annotations pour extraire précisément les zones contenant des nodules, puis pour chaque nodule, nous faisons l'extraction de trois coupes consécutives (Z-1, Z, Z+1).
- **Extraction RAD-Genome** : comme nous n'avons pas de coordonnées (X, Y, Z), nous avons utilisé une approche par échantillonnage central, en identifiant le centre géométrique de chaque volume CT et extrait un patch de trois coupes consécutives (Z1, Z, Z+1) autour de ce point.

Le résultat de cette extraction est une image de forme ($H \times L \times 3$), d'où :

- $H \times L$: résolution en pixels.
- 3 : les canaux qui représentent les tranches Z-1, Z, Z+1.

Redimensionnement : nous avons redimensionné chaque patch a 64×64 pixels, afin de garantir que chaque image d'entrée respecte les dimensions attendues par la couche d'entrée du modèle de Deep Learning.

3.4.2 Pré-traitement Radiologique

- **HU Clipping (Fenêtrage)** : Selon la définition physique et les standards médicaux, les scanners CT mesurent l'atténuation des rayons X lorsqu'ils traversent le corps, où chaque tissu absorbe ces rayons d'une façon différente selon sa densité. Cette atténuation est une propriété physique mesurable. Pour rendre ces mesures comparables entre patients et scanners, on utilise une échelle normalisée. L'utilisation des HU pour normaliser les intensités rend les données plus comparables et interprétables, et le modèle intelligent peut apprendre la différence entre air, poumon, nodule, os toute en stabilisant l'apprentissage et en améliorant le contraste entre les nodules et le parenchyme pulmonaire.

Les HU sont calculées à partir du coefficient d'atténuation des rayons X :

$$HU = 1000 \times \frac{\mu_{tissu} - \mu_{eau}}{\mu_{eau}}$$

Où :

- est le coefficient d'atténuation du tissu,

- est celui de l'eau (référence).
- **Normalisation Min-Max** : Transformation des valeurs HU en une plage de $[0,1]$.

3.4.3 Pré-traitement Dynamique (data augmentation)

- **Rotation** : Fait pivoter l'image aléatoirement jusqu'à 20 degrés. Cela aide le modèle à reconnaître un nodule peu importe son orientation.
- **Décalage** : Décale l'image horizontalement et verticalement de 10%. Cela apprend au modèle que le nodule n'est pas toujours parfaitement centré.
- **Flip horizontal** : Crée un effet miroir horizontal. En imagerie médicale, un nodule pulmonaire peut apparaître à gauche ou à droite, c'est donc très utile.
- **Zoom** : Effectue un zoom aléatoire de $\pm 10\%$. Cela simule des variations de taille ou de distance du nodule par rapport au scanner.
- **Remplissage** : C'est le mode de remplissage, pour combler les zones vides qui apparaissent sur les bords après le décalage de l'image, en étirant les pixels voisins.

3.4.4 Pré-traitement de Gestion

- **Gestion du déséquilibre des classes (Class Weights)** : Vu le déséquilibre entre les classes, nous avons opté pour une pondération dynamique des classes, au lieu de modifier physiquement le nombre d'échantillons, cette méthode attribue un poids supérieur à la classe minoritaire lors du calcul de la fonction de perte (*loss function*). Le modèle est ainsi pénalisé plus sévèrement lorsqu'il se trompe sur un cas pathologique, ce qui force une classification équilibrée sans perdre d'informations précieuses du jeu de données.
- **Mélange (Shuffle)** : Désorganisation de l'ordre des données pour éviter que le modèle apprenne des séquences par cœur.

3.5 Architecture du système proposé

3.5.1 Vue globale de l'architecture

Le système de détection précoce des nodules pulmonaires est conçu selon un pipeline clair et structuré, en intégrant le traitement d'images et l'apprentissage profond.

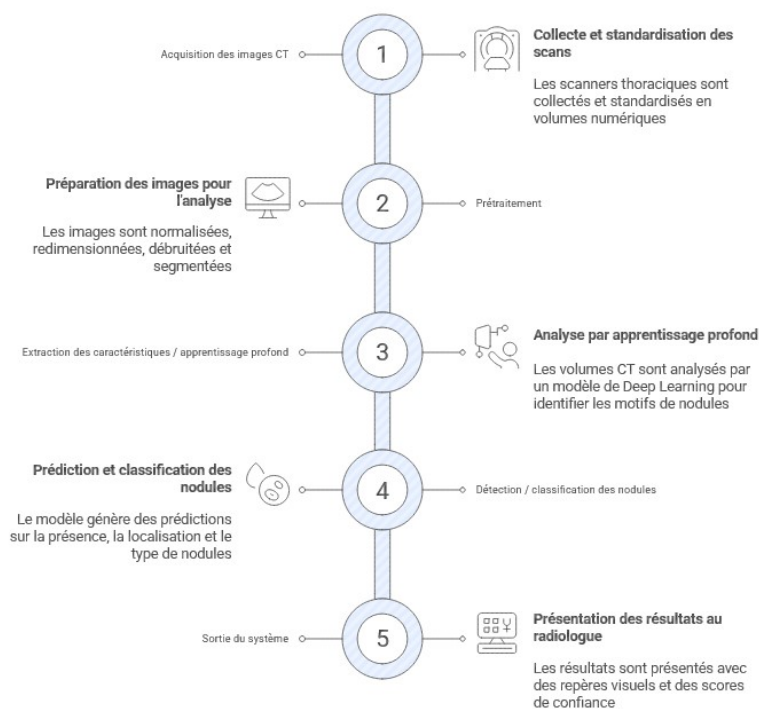


FIGURE 3.1 – Pipeline d’analyse des images CT thoraciques par Deep Learning pour la détection des nodules

1. **Acquisition des images CT** : les scanners thoraciques sont collectés et standardisés en volumes numériques exploitables par le système.
2. **Prétraitement** : comme décrit précédemment, cette étape inclut la normalisation des intensités, et le redimensionnement.
3. **Extraction des caractéristiques / apprentissage profond** : les volumes CT sont analysés par un modèle de Deep Learning qui apprend automatiquement à identifier les motifs caractéristiques des nodules pulmonaires.
4. **Détection / classification des nodules** : le modèle génère des prédictions sur la présence, la localisation et éventuellement le type de nodules détectés.
5. **Sortie du système** : les résultats sont présentés sous une forme exploitable pour le radiologue, avec des repères visuels et des scores de confiance pour chaque anomalie détectée.

3.5.2 Le modèle intelligent proposé

Il est important de préciser que la base Rad-Genome CT n’a pas encore fait l’objet de publications scientifiques explicitement centrées sur la détection des nodules pulmonaires cancéreux, mais vu la quantité limitée de volumes disponibles dans cette base, nous avons opté pour une stratégie de combinaison avec une base de données de référence internationales : **LUNA16**. Issue de **LIDC-IDRI**

S’inspirant des avancées récentes en radiomique et en apprentissage profond, le modèle proposé repose sur une architecture hybride CNN-Transformer 2.5D, pour la détection précoce des nodules pulmonaires cancéreux. Cette approche combine la puissance

d'extraction de caractéristiques locales des réseaux de neurones convolutifs (CNN) et la capacité des Transformers à modéliser des dépendances globales.

Cette combinaison démontre une excellente capacité de généralisation lors du passage d'un dataset à un autre, ce qui permet de maximiser les performances du système.

L'entrée du modèle est constituée d'un patch 2.5D normalisé de taille fixe $D \times D \times C$, où :

- **D** : représente la résolution spatiale (largeur et hauteur du patch en pixels) ;
- **C** : correspond au nombre de canaux, ici fixé à 3 (les coupes axiales $z1$, z et $z+1$).

Cette approche 2.5D permet de capturer l'information de profondeur locale tout en exploitant les poids pré-entraînés des architectures CNN standards.

Extraction de Caractéristiques avec MobileNet

La représentation 2.5D est d'abord traitée par le backbone MobileNetV2, un réseau de neurones convolutifs pré-entraîné, optimisé pour extraire des caractéristiques spatiales profondes tout en restant léger en termes de paramètres.

MobileNetV2 utilise des convolutions séparables en profondeur (*Depthwise Separable Convolutions*) et des blocs résiduels inversés.

Nous avons retiré la couche de classification finale du modèle pré-entraîné pour ne garder que la partie qui voit les formes et les textures, et on a gelé les poids pour qu'il soit capable d'utiliser les connaissances déjà acquises sur le jeu de données *ImageNet* sans réapprendre pas à détecter les formes.

Architecture et fonctionnement de MobileNet MobileNetV2 est un modèle pré-entraîné sur la base ImageNet version 2012, introduit par Google en 2018. Il se caractérise par une architecture différente de CNN classique, composée de 3 parties :

- **La Convolution Séparable en Profondeur** : cela consiste à diviser la convolution en deux parties Depthwise et Pointwise pour réduire le nombre de paramètres, la complexité et les coûts de calcul.
- **Les Blocs Résiduels Inversés** : Ils élargissent temporairement le volume de données pour capturer les détails subtils du nodule, avant de les compresser à nouveau pour ne conserver que l'information essentielle.
- **La Connexion Résiduelle** : Elle crée un raccourci permettant à l'information de circuler sans déformation à travers le réseau, ce qui stabilise l'apprentissage et évite la perte de détails importants.

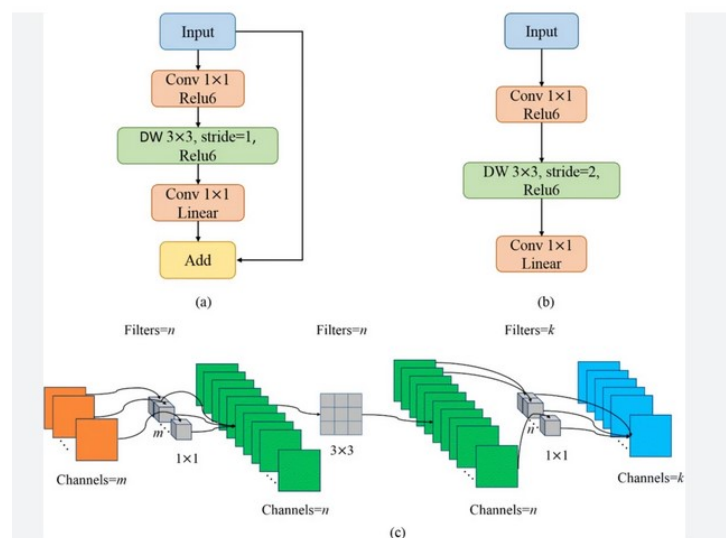


FIGURE 3.2 – Architecture des blocs de base de MobileNetV2

Justification du choix Le choix de MobileNet comme extracteur de caractéristiques pour la détection des nodules pulmonaires repose sur des arguments d'efficacité adaptés au domaine médical :

- **Prévention du surapprentissage** : L'utilisation de MobileNet garantit une meilleure généralisation sur de nouveaux scanners de patients et évite le risque que le réseau apprenne 'par cœur' grâce à sa structure légère, vu la quantité limitée des données.
- **Équilibre architectural** : Sa légèreté compense la complexité du Transformer, créant un modèle hybride stable, facile à entraîner et performant.

Le Bloc Transformer (Multi-Head Attention)

Après l'extraction des caractéristiques locales par MobileNetV2, les données sont re-modélées (*flattening/reshaping*) pour alimenter le module Transformer. Ce bloc permet d'ajouter une dimension d'analyse globale à notre modèle :

- **Attention Globale (Multi-Head Self-Attention)** : Avec l'utilisation de 4 têtes d'attention, le modèle peut analyser simultanément les relations entre toutes les régions de l'image. Cela est crucial pour différencier un nodule d'une structure vasculaire complexe en capturant le contexte spatial global, souvent invisible pour un CNN classique.
- **Normalisation** : Une couche de Layer Normalisation stabilise les calculs
- **Régularisation** : on a utilisé un Dropout de 0.5 pour renforcer la robustesse et prévenir le surapprentissage et une régularisation L2 dans la couche dense

Classification

Nous combinons les informations via une couche de Global Average Pooling 1D, transformant les tokens en un vecteur global. Ce vecteur passe ensuite par :

- **Dense 64** : Une couche entièrement connectée avec fonction d'activation **GELU** et régularisation **L2** (10^3).
- **Dense 1** : Un neurone final avec activation **sigmoïde** pour fournir la probabilité de présence d'un nodule (score entre 0 et 1).

L'explicabilité (Occlusion Sensitivity)

Pour assurer la confiance clinique, nous avons appliqué la technique Occlusion Sensitivity. C'est une technique qui permet de visualiser et comprendre la décision de modèle, elle transforme la boîte noire en une carte de chaleur superposée à l'image originale.

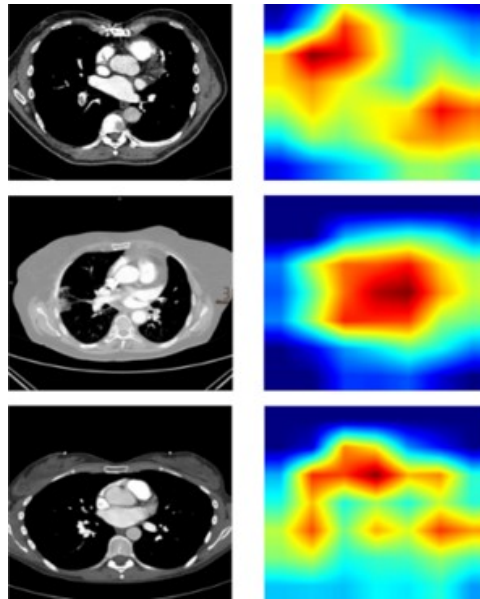


FIGURE 3.3 – Exemple d'une carte de chaleur (avec Occlusion Sensitivity)

La carte de chaleur c'est une carte colorée qui combine les couleurs chaudes généralement un rouge pour les pixels qui ont le plus influencé la décision positive du modèle, et les couleurs froides comme le bleu pour les zones ignorées ou jugées non pertinentes par le modèle.

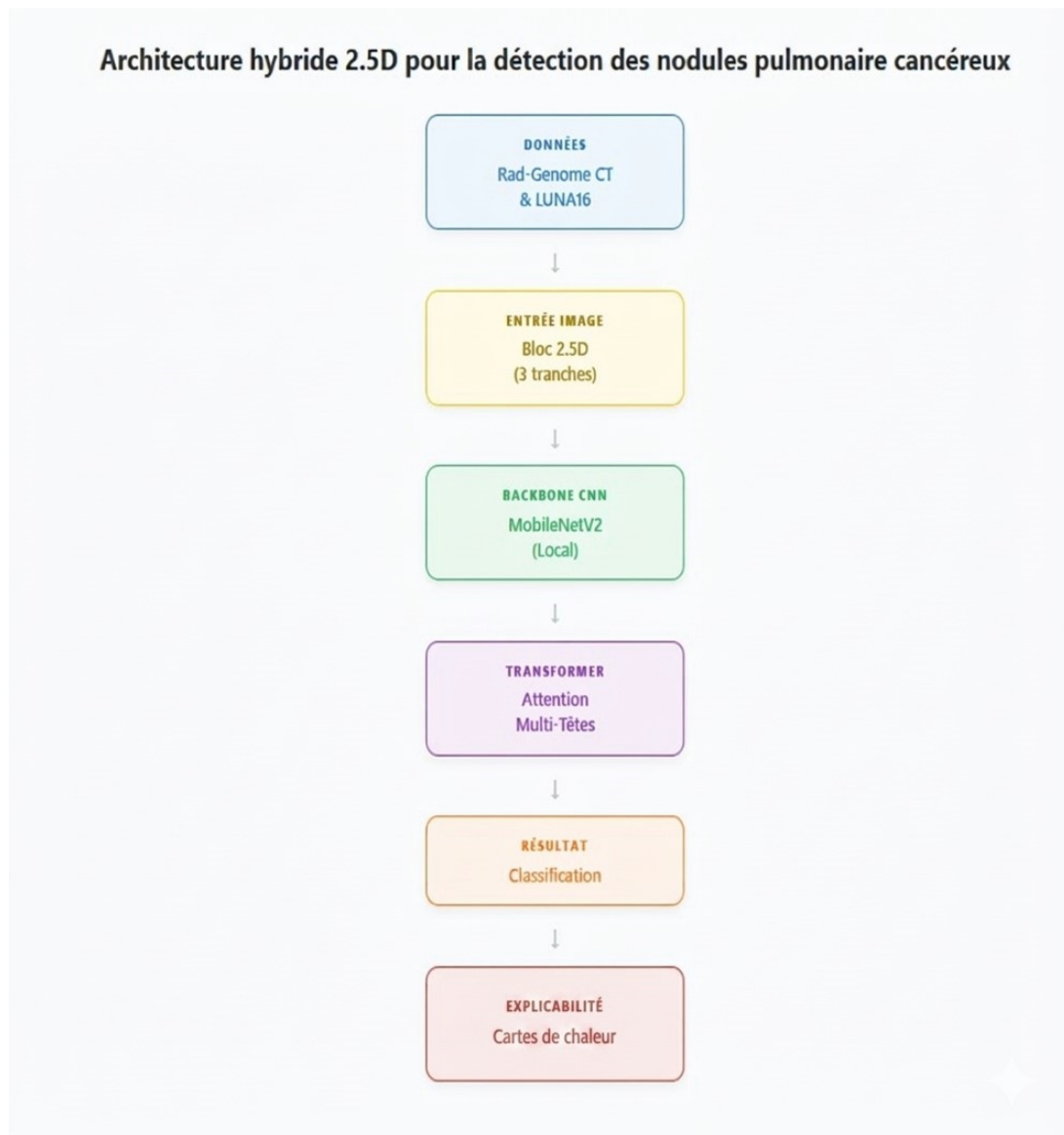


FIGURE 3.4 – Architecture hybride 2.5D pour la détection des nodules pulmonaire cancéreux

3.5.3 Fonction de perte

La fonction de perte est un outil mathématique pour mesurer l'écart entre les prédictions du modèle et les labels réels du dataset. Elle est indispensable dans tout modèle Deep Learning, en guidant le modèle pendant l'apprentissage pour ajuster ses poids et améliorer ses prédictions.

Un choix approprié de la fonction de perte permet non seulement d'optimiser la précision de la détection, mais aussi de produire des probabilités fiables, facilitant l'interprétation clinique par les radiologues.

Dans le cadre de la détection précoce de nodules pulmonaires où la tâche est binaire, la fonction de perte est la Binary Cross-Entropy (BCE), adaptée aux problèmes de

classification binaire. Elle est définie par la formule suivante :

$$\mathcal{L}_{BCE} = -\frac{1}{N} \sum_{i=1}^N [y_i \log(\hat{y}_i) + (1 - y_i) \log(1 - \hat{y}_i)]$$

Où :

- N est le nombre d'exemples du dataset,
- y 0,1 est le label réel du i -ème volume (0 = pas de nodule, 1 = nodule),
- $\hat{y}$ est la probabilité prédite par le modèle via la fonction Sigmoid.

3.5.4 Optimisation et régularisation

Les modèles d'apprentissage profond, notamment les modèles hybrides, nécessitent une optimisation rigoureuse afin de bien généraliser sur de nouvelles données, visant à améliorer les performances en minimisant la fonction de perte, tout en trouvant un équilibre entre la complexité du modèle, la régularisation et la qualité des données.

Pour cela, nous utilisons l'optimiseur Adam. Il combine les mécanismes du *Momentum* et du *RMSProp* pour ajuster automatiquement le taux d'apprentissage de chaque paramètre. Pour renforcer la régularisation et prévenir le sur-apprentissage, nous avons couplé cet optimiseur à une pénalité L2 (`kernel_regularizer=regularizers.l2(1e-3)`) appliquée aux couches denses. Cette approche assure une convergence stable et efficace, essentielle pour la synergie entre le CNN et le Transformer.

Ces modèles nécessitent également une régularisation pour améliorer la généralisation du modèle en limitant le surapprentissage. Pour cela nous adoptons un ensemble des techniques qui force la stabilité de l'apprentissage et la fiabilité des performances :

- **Régularisation L2** : c'est une technique qui consiste à ajouter à la fonction de perte une pénalité proportionnelle à la somme des carrés des poids du modèle :

$$\mathcal{L}_{L2} = \mathcal{L}_{BCE} + \lambda \sum_i w_i^2$$

Où :

- λ : est le paramètre de régularisation qui contrôle l'intensité de la pénalité
- $\mathbf{w}$: les poids du modèle.

L'utilisation de la régularisation L2 assure la stabilité de l'apprentissage en réduisant les valeurs extrêmes des poids, tout en aidant à maintenir un équilibre entre les différentes parties du modèle et évite qu'une sous-partie domine l'apprentissage, cela est très nécessaire dans les modèles hybrides.

```
from tensorflow.keras import regularizers
model.add(Dense(64, activation='gelu',
                kernel_regularizer=regularizers.l2(1e-3)))
```

L'utilisation de la régularisation L1 dans ce modèle hybride pourrait être risqué de perdre des informations importantes, et peut créer des gradients instables en forçant certains poids à zéro.

- **Dropout** : c'est une technique appliquée dans les couches fully connected et les Transformers pour désactiver aléatoirement certains neurones à chaque itération. Le taux de dropout représente la proportion désactivée ; généralement compris entre 0.2 et 0.5. Cette technique réduit le sur apprentissage pour des architectures complexes et ne nécessite aucun réglage manuel complexe.

```
from tensorflow.keras.layers import Dropout
model.add(Dropout(rate=0.5)) # Désactive 50 % des neurones
```

Ce choix est dicté par la nature limitée de notre base de données. Dans un contexte où le risque de surapprentissage (*overfitting*) est élevé, ce paramètre agit comme une régularisation forte empêchant la co-adaptation des neurones. En désactivant aléatoirement 50 % des neurones à chaque itération, nous forçons le modèle à apprendre des représentations morphologiques générales plutôt que de mémoriser les spécificités du jeu d'entraînement.

Nos tests comparatifs ont démontré qu'une valeur inférieure (ex : 0,3) entraînait une divergence rapide entre les pertes d'entraînement et de validation, signe d'une mémorisation par cœur. Le taux de 0,5 a permis de stabiliser la performance sur les données de validation, garantissant ainsi une meilleure capacité de généralisation sur de nouveaux volumes CT.

- **Batch Normalization** : c'est une technique qui vise à stabiliser et accélérer l'apprentissage en normalisant les activations, appliqué après chaque convolution 2D.

```
model.add(layers.BatchNormalization())
```

- **Layer Normalization** : Spécifiquement utilisée dans le bloc Transformer pour stabiliser les mécanismes d'attention.
- **Early stopping** : c'est une technique qui consiste à arrêter l'entraînement du modèle avant la fin du nombre d'époques prévu, dès que la performance sur l'ensemble de validation cesse de s'améliorer. Cette technique est cruciale pour gagner du temps d'entraînement et éviter le surapprentissage. Son implémentation nécessite une division des données en données d'entraînement qui vont être utilisées pour ajuster les poids du modèle et données de validation qui vont être utilisées pour surveiller la performance, définition d'un critère d'arrêt, et une implémentation d'un "checkpoint".

3.6 Méthode d'apprentissage et de validation

L'apprentissage du modèle hybride repose sur un entraînement supervisé, où les volumes CT annotés servent à apprendre à détecter les nodules pulmonaires.

3.6.1 Séparation des données

Les volumes CT sont normalisés et redimensionnés pour correspondre à la taille d'entrée du modèle, puis ils sont répartis en deux ensembles distincts :

- **Entraînement** : utilisé pour ajuster les poids du modèle.
- **Validation** : utilisé uniquement pour évaluer la performance finale du modèle sur des données inédites.

3.6.2 Métriques d'évaluation

La performance du système sera mesurée par plusieurs indicateurs complémentaires, adaptés à la fois à la classification binaire et aux standards de l'imagerie médicale thoracique :

- L'exactitude (Accuracy, Précision globale) : Proportion de prédictions correctes parmi l'ensemble des volumes 3D testés.
- Sensibilité (Recall / Rappel) : Capacité du modèle à identifier correctement tous les nodules réels. C'est la métrique la plus critique pour éviter de rater une pathologie (faux négatifs).
- Spécificité : Capacité du modèle à identifier correctement les tissus sains et à éviter les fausses alertes.
- AUC-ROC (Area Under the Curve) : Indique la performance globale du modèle à distinguer les classes "nodule" et "non-nodule" indépendamment du seuil de décision.
- F1-Score : Moyenne harmonique entre la précision et le rappel, particulièrement utile car notre dataset unifié peut présenter un déséquilibre entre les classes.
- FP/scan (Faux Positifs par scanner) : Métrique standard en détection de nodules. Puisque nous avons fusionné trois bases, cette mesure permet d'évaluer la fiabilité clinique du modèle en comptant le nombre moyen d'erreurs commises sur un examen complet.
- Courbe FROC (Free-response Receiver Operating Characteristic) : C'est l'outil de référence pour LUNA16. Elle trace la sensibilité en fonction du nombre moyen de faux positifs par scan. Une courbe s'élevant rapidement vers le haut indique un modèle performant avec peu d'erreurs de localisation.

3.7 Environnement matériel et logiciel

Le système sera développé dans un environnement optimisé pour le traitement massif de données médicales et l'apprentissage profond :

- **Langage** : Python, pour sa richesse en bibliothèques scientifiques et sa compatibilité avec les Frameworks d'IA.
- **Bibliothèques principales** :
 - **TensorFlow/Keras** : pour la conception du modèle
 - **Gestion des calculs** : XLA (Accelerated Linear Algebra) activé pour la compilation JIT (*Just-In-Time*) afin d'optimiser les opérations matricielles sur le GPU
 - **OpenCV** : pour le prétraitement des images.
 - **SimpleITK** : C'est la bibliothèque standard pour lire les fichiers de LUNA16.

- **NumPy & Pandas** : Pour ouvrir les fichiers npz, gérer les annotations et fusionner les deux bases de données
- **Précision** : Utilisation du *Mixed Precision* (FP16) pour accélérer les temps de calcul et réduire l’empreinte mémoire tout en maintenant la convergence
- **Environnement d’exécution** : GPU T4 (16 Go de mémoire HBM2). Ce choix a été motivé par la bande passante mémoire élevée de cette architecture.

3.8 Conclusion

Ce chapitre a présenté de manière exhaustive la démarche méthodologique rigoureuse adoptée pour la détection précoce des nodules pulmonaires à partir de scanners CT, en abordant l’analyse détaillée du problème, les contraintes médicales telles que la taille variable des nodules, la variabilité inter-patients et le risque de faux positifs/négatifs, ainsi que les contraintes techniques liées à la qualité des images, au volume des données et au temps de calcul, en définissant les objectifs fonctionnels de détection automatique et d’aide au diagnostic, les objectifs non fonctionnels de précision, robustesse et scalabilité, en introduisant les bases de données : LUNA16, et Rad-Genome avec leurs images volumétriques et leurs annotations médicales, en expliquant les étapes de prétraitement incluant la normalisation, le rééchantillonnage, et l’augmentation des données, en décrivant l’architecture hybride basée sur une adaptation 3D de MobileNetV2 pour l’analyse locale et des Transformers pour la compréhension globale, complété par l’outil Grad-CAM pour assurer l’explicabilité et la transparence clinique.

Ainsi que la méthode d’apprentissage et de validation avec séparation des jeux de données et métriques d’évaluation rigoureuses, le tout dans un environnement logiciel et matériel optimisé, posant ainsi les fondations pour le chapitre suivant consacré à l’analyse des résultats et aux expérimentations.

Chapitre 4

Résultats et Analyse

4.1 Introduction

La détection précoce des pathologies pulmonaires représente un enjeu majeur pour une meilleure prise en charge des patients ; l'intégration de l'intelligence artificielle dans l'analyse des scanners thoraciques vise à offrir une aide au diagnostic complétée par l'expertise du praticien.

Ce chapitre vise à décrire la phase d'évaluation expérimentale du projet, en démontrant l'efficacité de l'architecture proposée par l'interprétation des résultats.

L'objectif principal est d'évaluer la capacité de notre modèle à distinguer avec précision les nodules pulmonaires des structures anatomiques saines.

Pour ce faire, le chapitre est structuré en quatre parties :

- La première partie, Matériel et Méthodes, pour décrire l'environnement de développement, le jeu de données utilisé et le protocole d'entraînement du modèle.
- La partie, Résultats qui expose les performances obtenues à travers l'analyse des différentes métriques d'évaluation.
- Puis une Discussions pour pouvoir mettre ces résultats en perspective en les confrontant aux objectifs initiaux et aux travaux existants.
- Enfin une conclusion qui récapitule l'ensemble de la phase expérimentale et les résultats obtenus.

4.2 Matériel et Méthodes

4.2.1 Environnement de développement

La mise en œuvre de notre système de diagnostic a été réalisée dans l'environnement Cloud Kaggle, offrant les ressources computationnelles nécessaires au deep learning.

Kaggle

Kaggle est une plateforme web interactive créée en avril 2010 par Anthony Goldbloom, elle propose des notebooks basés sur Jupyter, tout en permettant l'accès et la manipulation de jeux de données volumineux, ainsi que l'importation de bases de données personnelles.

Outils logiciels et matériels

Le développement a été effectué en Python 3.12, en exploitant les bibliothèques logicielles et matérielles :

- **Frameworks** : Nous avons utilisé TensorFlow et Keras pour la construction de l'architecture hybride, ainsi que SimpleITK pour la lecture et la manipulation des images médicales au format multidimensionnel (.mhd, .npz).
- **Traitement de données** : Les bibliothèques NumPy et Pandas ont assuré la gestion des structures de données et des labels, tandis que Matplotlib et Seaborn ont permis la visualisation des coupes scanographiques et des métriques.
- **Matériel (Hardware)** : L'entraînement a été accéléré par un processeur graphique GPU NVIDIA T4 permettant de gérer efficacement les calculs intensifs liés aux mécanismes de multi-head attention de notre modèle

4.2.2 Jeu de données

Pour le développement de ce système nous avons dû fusionner deux bases de données (LUNA16 et RadGenome-CT) pour renforcer la robustesse du modèle. L'objectif principal de cette fusion n'a pas été uniquement de fournir une grande quantité de données mais de créer un modèle plus généraliste.

- **LUNA16** : 534 volumes 3D (format .mhd), de 512×512 avec un nombre de coupes variable.
- **RadGenome-CT** : 242 Volumes 3D (format .npz), shapes variables avec un nombre de coupes variable.

Nous avons développé des scripts Python pour unifier les formats des deux bases et aligner les métadonnées pour créer un seul format binaire de labels : **1** pour Nodule, **0** pour Sain.

L'objectif était de créer une structure de données unique (DataFrame) sans perte d'information.

Afin de garantir que le pipeline d'entraînement ne traite que des informations anatomiques valides et ignore les coupes non significatives, nous avons effectué un nettoyage de données automatique en calculant l'écart-type, il mesure la dispersion des valeurs des pixels autour de la moyenne :

- **Écart-type proche de 0** : Toutes les valeurs sont identiques, ce qui signifie que l'image est vide.

- **Écart-type élevé** : Il y a une grande variété de niveau de gris, cela traduit l'existence des détails.

La fusion de ces deux bases n'a pas été aléatoire, les deux bases sont compatibles :

- **Homogénéité Dimensionnelle (3D)** : Les données brutes représentent la même information physique structurée en grilles 3D. et bien que les formats de stockage différent (.mhd , .npz), avec les bibliothèques SimpleITK et NumPy, les deux volumes deviennent des tableaux NumPy.
- **Complémentarité Sémantique** : Les deux bases ciblent la zone thoracique et les pathologies pulmonaires

Nous avons mis en place une procédure d'harmonisation rigoureuse pour garantir l'intégrité de l'apprentissage :

1. Binarisation des labels :

- **LUNA16** : L'extraction des labels s'est appuyée sur les annotations spatiales fournies. Chaque patch a été étiqueté 1 en présence d'un nodule et 0 dans le cas contraire (tissu pulmonaire sain).
 - **RadGenome** : L'étiquetage a été automatisé via un traitement de langage naturel (NLP) appliqué aux rapports radiologiques associés. Les rapports contenant des termes cliniques tels que « *nodule*rightung* »,
2. **Unification du format** : Après l'extraction, les patches issus des deux bases ont été normalisés à une dimension commune.

4.2.3 Synthèse et Équilibrage final du Dataset

Le tableau suivant représente la répartition réelle après les étapes de filtrage et extraction des patches 2.5D :

TABLE 4.1 – Répartition des patches 2.5D dans le dataset final

Source	Classe 0 (Sains)	Classe 1 (Nodules)	Total
LUNA16	2670	723	3393
RadGenome	59	193	252
Total	2729	916	3645

Le tableau montre que nous faisons face à un déséquilibre entre les échantillons positifs (916) et négatifs (2729). Un tel écart risque d'orienter le modèle vers une sur-détection des nodules.

4.2.4 Division train / validation

Afin d'assurer la fiabilité et la reproductibilité de nos expérimentations, le dataset 3645 patches a été divisé en un ensemble d'entraînement (80%) et un ensemble de validation (20%). La séparation stratifiée permet de conserver, dans chaque sous-ensemble, le ratio réel entre les patches sains et les patches contenant des nodules, garantissant une évaluation

non biaisée. Elle a été effectuée aléatoirement, tout en fixant une graine (*seed*) à 42 pour garantir la cohérence des résultats. Le jeu d'entraînement, composé de 2916 patches a servi à l'apprentissage du modèle, tandis que les 733 patches restants ont été réservés exclusivement à la validation afin d'évaluer la capacité de généralisation du modèle sur des données non vues durant l'entraînement.

Bien que la validation croisée (cross-validation) soit une méthode robuste, le volume important et la diversité de notre dataset (3645 patches) permettent d'obtenir une représentativité statistique suffisante via une séparation train/validation classique. Ce choix méthodologique garantit un temps de calcul optimisé et une évaluation directe sur un ensemble de données "inédites" et homogènes, assurant ainsi la capacité de généralisation du modèle sans alourdir le processus expérimental.

```
--- Résumé Global ---
Nombre total de patches : 3645
Distribution globale : {0: 2729, 1: 916}

--- Résumé après Split (80/20) ---
Train set : 2916 patches | Validation set : 729 patches
Distribution Train : {0: 2183, 1: 733}
Distribution Validation : {0: 546, 1: 183}

Shape d'un patch : (64, 64, 3)
Valeurs min/max : 0.00 / 0.82
```

FIGURE 4.1 – Protocole de division du dataset et stratégie de préparation des données

4.2.5 Class Weighting

Comme nous avons un déséquilibre majeur entre les classes nous avons fait l'équilibre par poids, c'est une technique utilisée pour traiter le déséquilibre des classes sans avoir à supprimer ou dupliquer des données.

Pendant l'entraînement, la fonction de perte (*Loss*) calcule l'erreur entre la prédiction et la réalité, pour la :

- **Classe majoritaire (Sain)** : Le modèle reçoit un poids faible (ex : 0.5). Son erreur est multipliée par 0.5.
- **Classe minoritaire (Nodule)** : Le modèle reçoit un poids élevé (ex : 2.0). Son erreur est multipliée par 2.0.

```

|
class_weights = class_weight.compute_class_weight(
    class_weight='balanced',
    classes=np.unique(labels_train),
    y=labels_train
)
class_weights_dict = dict(enumerate(class_weights))

print(f"Poids appliqués : {class_weights_dict}")

```

FIGURE 4.2 – Implémentation du Class Weighting

Ainsi de suite, à chaque fois que le modèle se trompe sur un nodule, la punition est 4 fois plus sévère ($2.0/0.5=4$) que lorsqu'il se trompe sur un échantillon sain. Cela force le modèle à accorder beaucoup plus d'attention aux nodules.

Justification du choix

Nous avons opté pour une approche par pondération des classes (*class weighting*) au niveau de la fonction de perte (*loss function*), plutôt que par des techniques de rééchantillonnage (sur-échantillonnage ou sous-échantillonnage). Ce choix se justifie pour deux raisons majeures :

1. Préservation de l'intégrité des données : Le sous-échantillonnage entraîne une perte d'informations précieuses par la suppression d'exemples de la classe majoritaire. À l'inverse, le sur-échantillonnage (type SMOTE ou duplication) comporte un risque élevé de création d'artefacts ou de surapprentissage par la génération de données synthétiques ou la duplication d'exemples existants.
2. Stabilité de l'apprentissage : La pondération des classes permet au modèle de pénaliser plus fortement les erreurs sur la classe minoritaire durant la rétropropagation, sans modifier la distribution naturelle des données d'entrée, garantissant ainsi un apprentissage plus fidèle à la réalité clinique.

Limites de l'approche

Bien que cette méthode soit efficace pour équilibrer l'apprentissage, elle comporte des limites :

1. Absence de diversification réelle : La pondération ne génère pas de nouvelles données, ce qui limite la variabilité de la classe minoritaire vue par le modèle.
2. Risque de surapprentissage : En forçant le modèle à se concentrer sur les 916 patches nodulaires, nous augmentons le risque de surapprentissage (*overfitting*) sur cette classe spécifique, ce qui pourrait dégrader la capacité de généralisation du modèle sur des données externes.

4.2.6 Implémentation du pipeline de transformation des données

Afin de garantir une entrée optimale des données dans notre architecture hybride, nous avons mis en place un pipeline de prétraitement automatisé utilisant la bibliothèque

SimpleITK. Ce pipeline transforme les fichiers bruts (NPZ, MHD) en volumes normalisés exploitables par le modèle. Cette phase comprend trois étapes critiques :

- **Ajustement du contraste (Clipping)**

L’ajustement du contraste, que nous appelons aussi le clipping, est une étape fondamentale pour adapter les images CT à l’analyse par apprentissage profond. Les scanners médicaux utilisent initialement l’échelle de Hounsfield (HU), qui couvre un intervalle de densités allant de l’air (-1000 HU) aux os (+1000 HU). Cependant, les informations nécessaires à la détection des nodules se situent dans une plage bien plus étroite.

Pour que l’IA se concentre sur l’essentiel et pour optimiser l’apprentissage, nous avons appliqué un fenêtrage strict en limitant les valeurs d’intensité entre **-1000 HU et 400 HU**. Ce traitement permet d’éliminer les bruits visuels causés par les structures très denses comme les côtes ou les vertèbres pour faire ressortir uniquement le poumon.

- **Normalisation et Redimensionnement**

Les scanners provenant de LUNA16 et de RadGenome ont tous des tailles et des résolutions différentes à l’origine. Pour uniformiser notre base de données finale, nous avons appliqué deux transformations finales :

- **Le Redimensionnement (Resizing)** : Chaque patch 2.5D est redimensionné à une taille cible de (64, 64, 3). Ce format préserve les détails morphologiques des nodules tout en optimisant l’utilisation de la mémoire GPU.
- **La Normalisation** : Les valeurs d’intensité sont mises à l’échelle dans l’intervalle [0, 1]. Cette conversion normalise les entrées, accélérant ainsi la convergence du modèle et stabilisant l’entraînement.

- **Augmentation de données**

Afin d’améliorer la robustesse du modèle et de prévenir le sur-apprentissage, nous avons mis en place une stratégie d’augmentation de données en ligne (*on-the-fly*). Cette technique applique des transformations aléatoires exclusivement sur le jeu d’entraînement, garantissant que le modèle ne traite jamais deux fois la même variante d’une image :

- **Rotation (rotation_range=20)** : Applique une rotation aléatoire jusqu’à 20 degrés, permettant au modèle d’être invariant à l’orientation des nodules.
- **Décalages (width/height_shift_range=0.1)** : Décale l’image horizontalement et verticalement de 10%, simulant un centrage imparfait du nodule dans le patch.
- **Inversion (horizontal_flip=True)** : Effectue une symétrie horizontale, augmentant ainsi artificiellement la diversité des exemples sans altérer la nature pathologique.
- **Zoom (zoom_range=0.1)** : Applique un zoom aléatoire de 10%, aidant le modèle à détecter les nodules quelle que soit leur taille apparente.

- **Stratégie de remplissage (`fill_mode='nearest'`)** : Comble les pixels vides générés par les transformations en dupliquant les pixels voisins, préservant ainsi l'intégrité des textures médicales.
- **Extraction des patches 2.5D**

Afin de garantir une cohérence volumétrique entre les différentes sources de données (LUNA16 et RadGenome), nous avons appliqué une normalisation spatiale rigoureuse avant l'extraction des patches :

Rééchantillonnage isotropique : Tous les volumes CT ont été rééchantillonnés à une résolution spatiale uniforme de $1 \text{ mm} \times 1 \text{ mm} \times 1 \text{ mm}$. Cette étape est indispensable pour éliminer les disparités liées aux protocoles d'acquisition (différentes épaisseurs de coupe natives) et assurer que le modèle apprenne des caractéristiques morphologiques à une échelle réelle constante. Ce traitement a été réalisé via des bibliothèques spécialisées en imagerie médicale (*SimpleITK*).

Extraction des patches 2.5D : Pour chaque nodule identifié, nous isolons un triplet de coupes axiales ($z-1, z, z+1$) centré sur les coordonnées anatomiques. Cette méthode, dite "2.5D", permet au modèle d'intégrer une information contextuelle sur la profondeur et l'extension du nodule, offrant une vision semi-3D plus robuste qu'une analyse 2D classique, tout en conservant une charge computationnelle maîtrisée adaptée aux ressources de calcul limitées.

4.2.7 Protocole d'entraînement

Pour notre système de détection des nodules pulmonaires cancéreux, nous avons élaboré un pipeline rigoureux partant des volumes CT bruts (formats .mhd et .npz) vers un format de patches 2.5D, où chaque nodule est isolé sous la forme d'un triplet de coupes axiales ($z-1, z, z+1$) centré sur les coordonnées anatomiques.

Les intensités sont écrêtées (*clipping*) entre -1000 et 400 HU pour supprimer les artefacts osseux, puis normalisées dans l'intervalle $[0,1]$.

Le jeu de données final, riche de 3645 patches, est divisé par une séparation stratifiée (`random_state=42`), assurant une représentativité constante des classes Sain et Nodule entre l'entraînement (80%) et la validation (20%).

Nous avons conçu une architecture hybride exploitant la puissance du Transfer Learning, MobileNetV2 est utilisé comme extracteur de caractéristiques. Pour garantir une adaptation optimale aux textures médicales tout en limitant le risque de surapprentissage, nous avons opté pour un **fine-tuning partiel** consistant à ne dégeler que les 20 dernières couches du modèle pré-entraîné (`base_model.trainable = True`) (`for layer in base_model.layers[:20]: layer.trainable = False`), tout en intégrant une couche de Multi-HeadAttention (avec 4 têtes) couplée à une normalisation (LayerNormalization). Le choix des 4 têtes résulte d'une étude de sensibilité empirique, offrant le meilleur compromis entre la capacité du modèle à capturer des dépendances spatiales complexes (bordures, densités) et la limitation du risque de surapprentissage.

Cette approche permet au modèle de conserver ses capacités générales de reconnaissance de formes tout en adaptant finement ses filtres aux textures spécifiques des nodules

pulmonaires. Ainsi, les paramètres entraînables ne se limitent pas uniquement à la couche d'attention et aux structures denses finales, mais incluent également les niveaux supérieurs de l'extracteur, garantissant une spécialisation optimale de l'architecture hybride à nos données médicales.

Le réseau se termine par une couche GlobalAveragePooling1D, une régularisation Dropout (0.5) pour éviter le surapprentissage, et une couche Dense finale avec activation sigmoïde, pour pouvoir générer la sortie binaire (0 : sain, 1 : nodule).

Pour garantir une convergence optimale, nous avons effectué des transformations aléatoires (rotation 20°, décalages 10%, zoom 10%, horizontal flip) sur le set d'entraînement pour renforcer la généralisation. Ainsi qu'une pondération des classes dans la fonction de perte, vu le déséquilibre majeur entre les classes.

L'entraînement a été monitoré via l'AUC (ROC). Un système de callbacks gère l'arrêt précoce (*EarlyStopping*) avec une patience=10, la sauvegarde du meilleur modèle (*ModelCheckpoint*) et l'ajustement dynamique du taux d'apprentissage (*ReduceLROnPlateau*), afin de garantir la stabilité du modèle lors des 100 époques.

Layer (type)	Output Shape	Param #	Connected to
input_layer_3 (InputLayer)	(None, 64, 64, 3)	0	-
mobilenetv2_1.00_2... (Functional)	(None, 2, 2, 1280)	2,257,984	input_layer_3[0]...
reshape_1 (Reshape)	(None, 4, 1280)	0	mobilenetv2_1.00...
multi_head_attenti... (MultiHeadAttentio...	(None, 4, 1280)	26,231,040	reshape_1[0][0], reshape_1[0][0]
add_1 (Add)	(None, 4, 1280)	0	reshape_1[0][0], multi_head_atten...
layer_normalizatio... (LayerNormalizatio...	(None, 4, 1280)	2,560	add_1[0][0]
global_average_poo... (GlobalAveragePool...	(None, 1280)	0	layer_normalizatio...
dropout_3 (Dropout)	(None, 1280)	0	global_average_p...
dense_2 (Dense)	(None, 64)	81,984	dropout_3[0][0]
dense_3 (Dense)	(None, 1)	65	dense_2[0][0]

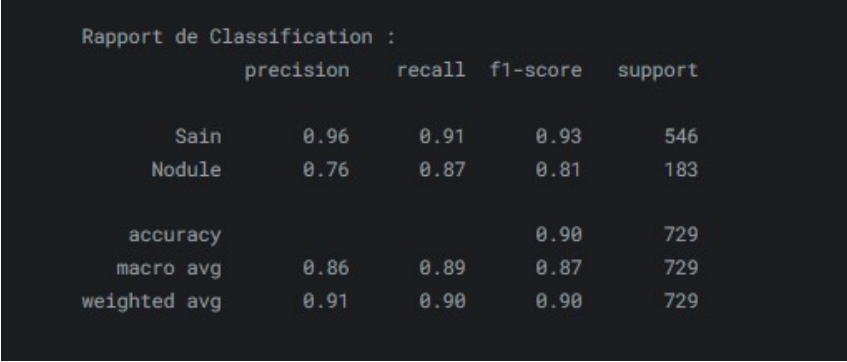
Total params: 28,573,633 (109.00 MB)
Trainable params: 27,521,729 (104.99 MB)
Non-trainable params: 1,051,904 (4.01 MB)

FIGURE 4.3 – Architecture détaillée et résumé des paramètres du modèle hybride (MobileNetV2 + Multi-Head Attention)

4.3 Résultats

L'évaluation du modèle hybride montre une capacité robuste à distinguer les nodules pulmonaires des tissus sains, avec une AUC de 0,96.

4.3.1 Analyse du rapport de classification



Rapport de Classification :				
	precision	recall	f1-score	support
Sain	0.96	0.91	0.93	546
Nodule	0.76	0.87	0.81	183
accuracy			0.90	729
macro avg	0.86	0.89	0.87	729
weighted avg	0.91	0.90	0.90	729

FIGURE 4.4 – Rapport de classification

Le rapport de classification indique :

- **Un rappel de 0,87** pour la classe « Nodule », cela signifie que le modèle détecte 87 % des nodules présents dans le jeu de validation. **Un rappel de 0,91** pour la classe « Sain » signifie que le modèle réussit à identifier 91 % de tous les cas réellement sains présents dans les données.
- **Une précision de 0,96** pour la classe « Sain », cela signifie que lorsque le modèle prédit qu'un tissu est sain, il a raison dans 96 % des cas. Cela limite les fausses alertes inutiles.
- **La précision pour les nodules est de 0,76**, ce qui signifie qu'il y a une proportion de faux positifs à considérer.
- **F1-Score de 0,93** pour la classe « Sain », ce qui indique un équilibre solide pour cette classe.

4.3.2 Analyse de la Matrice de Confusion

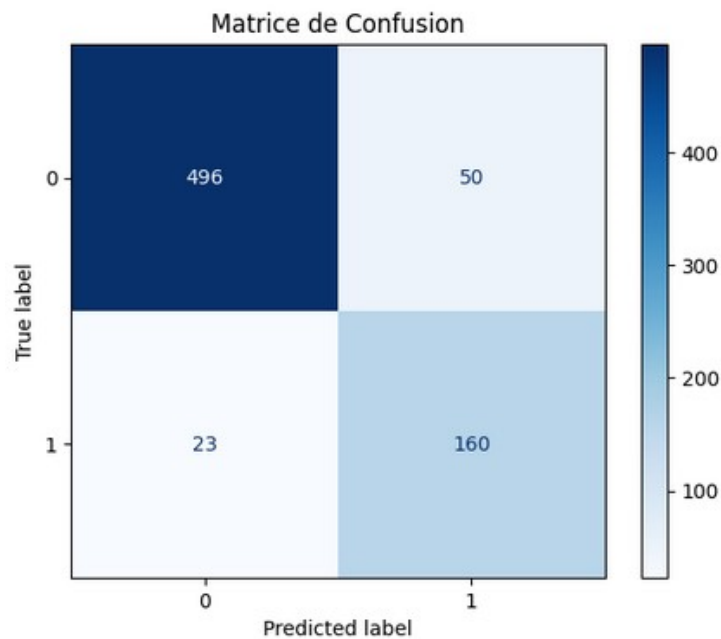


FIGURE 4.5 – La matrice de confusion

La matrice de confusion confirme la fiabilité du modèle :

- **Vrais Négatifs (496)** : Le modèle a correctement identifié 496 cas comme étant « Sain » (classe 0).
- **Faux Positifs (50)** : Le modèle a classé 50 cas sains comme étant des nodules.
- **Faux Négatifs (23)** : Le modèle a classé 23 cas « Nodule » comme étant sains.
- **Vrais Positifs (160)** : Le modèle a correctement identifié 160 nodules comme étant des cas de « Nodule » (classe 1).

La matrice de confusion montre que le système est extrêmement sensible pour ne pas passer à côté d'un nodule (très peu de faux négatifs). Les 50 faux positifs représentent des zones saines interprétées comme suspectes.

4.3.3 Analyse des courbes (Performance quantitative)

Courbes d'apprentissage (AUC et Loss) :

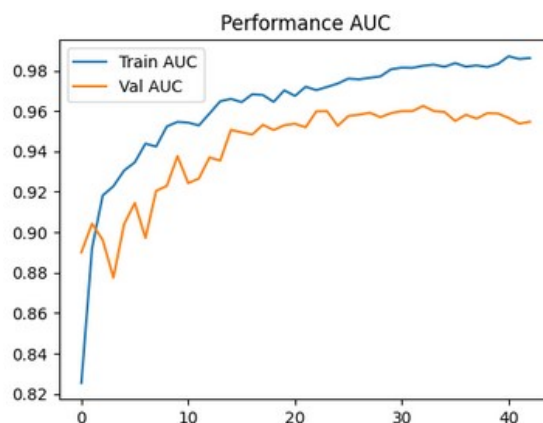


FIGURE 4.6 – La courbe AUC pour le train et la validation

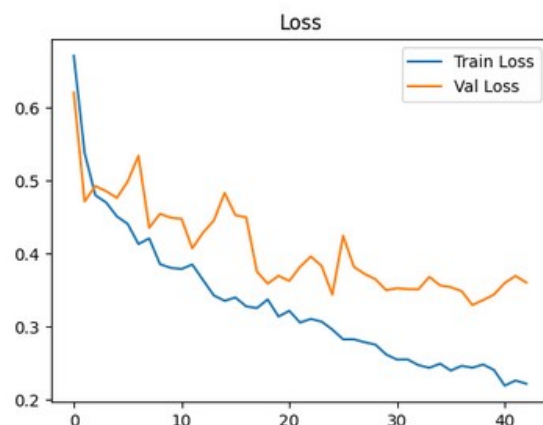


FIGURE 4.7 – La courbe Loss pour le train et la validation

- Nous observons que l'AUC d'entraînement montre une progression rapide, se stabilisant à une valeur proche de 0,98. L'AUC de validation, quant à elle, démarre à une valeur élevée aux alentours de 0,89 dès la première époque, ce qui témoigne de l'efficacité du Transfer Learning (via le modèle pré-entraîné) pour initialiser les poids. La faible divergence entre les courbes confirme une excellente capacité de généralisation du modèle sur des données non vues.
- La courbe « Loss » illustre une diminution constante des pertes, cela confirme la pertinence de la pondération des classes et l'efficacité des *callbacks* utilisés. Cette stabilité valide notre stratégie d'apprentissage et confirme l'absence de surapprentissage.

Courbe ROC (Receiver Operating Characteristic) :

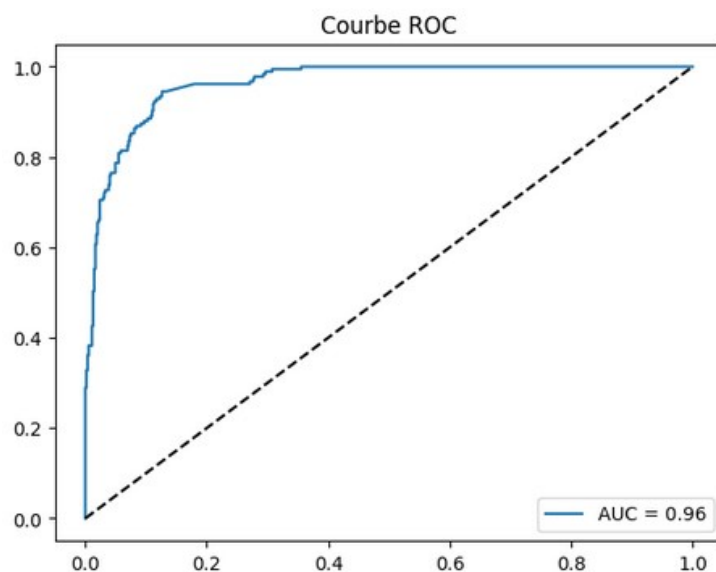


FIGURE 4.8 – La courbe ROC

Le score de **0,96** d'AUC signifie que le modèle a 96 % de probabilité de classer correctement une instance positive (nodule) au-dessus d'une instance négative (sain) choisies au hasard, ce qui indique une capacité de discrimination très élevée entre les tissus sains et les nodules cancéreux.

La courbe monte très verticalement dès le début, indiquant que le modèle parvient à identifier une grande majorité de nodules (sensibilité) sans accumuler trop de fausses alertes (taux de faux positifs).

La ligne pointillée noire représente un modèle aléatoire ($AUC = 0.50$, 'tirage à pile ou face'). La grande surface située entre la courbe bleue et cette diagonale illustre visuellement la "valeur ajoutée" du modèle par rapport à une classification au hasard.

Dans le domaine du diagnostic du cancer du poumon, cette courbe démontre que le modèle offre un excellent compromis entre la sensibilité élevée pour ne pas manquer une tumeur tout en gardant un taux de faux positifs sous contrôle.

L'aspect stable et lisse de la courbe montre que le modèle n'a pas été sur-optimisé pour un seuil arbitraire, mais qu'il est robuste sur l'ensemble des seuils de probabilité.

Courbe FROC (Free-response ROC) :

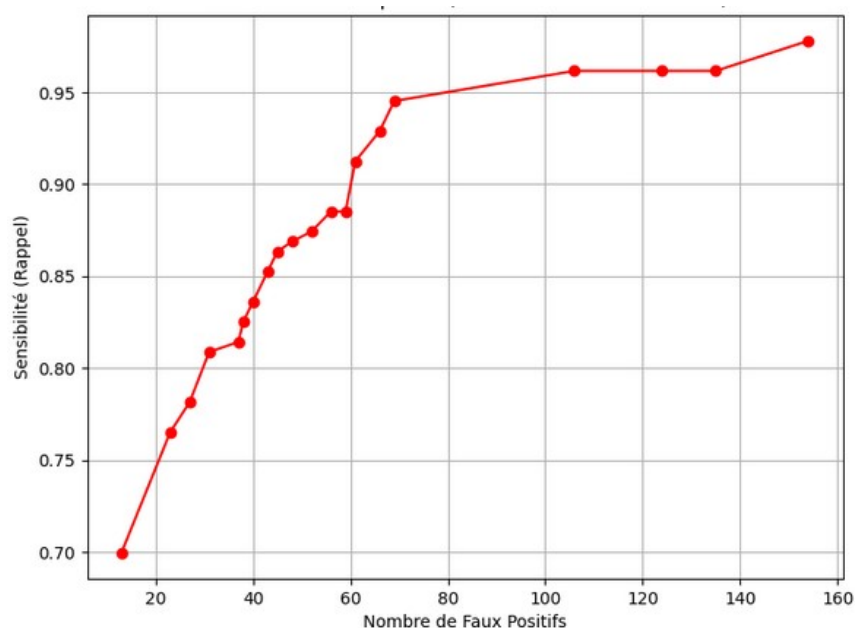


FIGURE 4.9 – La courbe FROC

La courbe FROC illustre le compromis entre la sensibilité et le nombre moyen de faux positifs par scan. Elle constitue un indicateur de performance critique pour un système d'aide au diagnostic radiologique.

La courbe montre une ascension très abrupte dès le début, atteignant rapidement une sensibilité de 0,90 pour un nombre réduit de faux positifs (inférieur à 60). Cela démontre que le modèle identifie une grande majorité de nodules critiques très tôt, limitant ainsi la charge de travail initiale du radiologue.

Au-delà de 100 faux positifs, la courbe tend progressivement vers une sensibilité quasi parfaite (proche de 1,0). Ce plateau indique que pour atteindre les derniers pourcentages de détection, le système accepte une augmentation du nombre de fausses alertes, un comportement standard et attendu pour ce type d'algorithme.

Cette courbe confirme le rôle du modèle en tant qu'outil de « pré-diagnostic ». Il garantit une détection très élevée des nodules, laissant au radiologue le soin d'effectuer le tri final parmi les zones signalées comme « suspectes » par l'algorithme.

Courbe Précision-Rappel (PR Curve) :

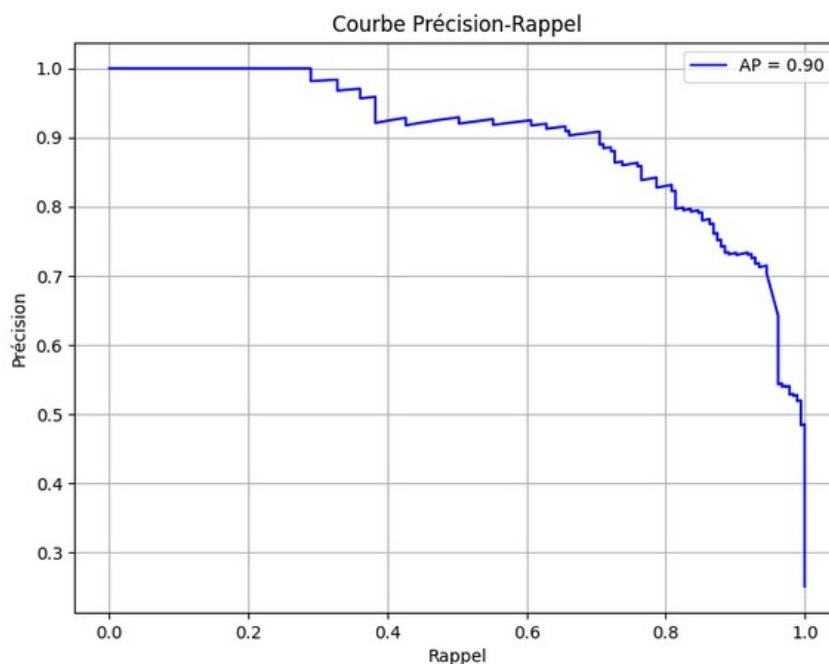


FIGURE 4.10 – La courbe Précision-Rappel (PR Curve)

La courbe Précision-Rappel est ici l'indicateur le plus pertinent en raison du déséquilibre naturel des classes (plus de tissus sains que de nodules dans les scanners).

Le AP (Average Precision) de 0,90 est très élevé. Il confirme que le modèle maintient une excellente performance même lorsque l'on ajuste le seuil de sensibilité.

La courbe reste haute sur une grande partie de l'axe des abscisses, ce qui signifie que le modèle est capable d'atteindre un haut niveau de rappel (détection de presque tous les nodules) sans pour autant sacrifier toute sa précision (trop de fausses alertes).

4.4 Discussions

Les résultats obtenus démontrent l'efficacité de l'approche hybride proposée pour la détection des nodules pulmonaires cancéreux sur les patches 2.5D.

4.4.1 Analyse de la méthodologie et du pipeline de données

Le pipeline mis en place, partant des volumes CT bruts vers des patches 2.5D, s'est révélé crucial pour capturer la cohérence spatiale nécessaire au diagnostic, l'utilisation de triplets de coupes axiales ($z1, z, z+1$) a permis au modèle de percevoir une continuité anatomique, cela a aidé le modèle à mieux comprendre la profondeur et la structure volumétrique d'un potentiel nodule. Le pré traitement incluant l'écrêtage (*clipping*) entre -1000 et 400 HU et la normalisation des intensités, a permis de standardiser les entrées, garantissant ainsi une meilleure stabilité lors de l'apprentissage.

4.4.2 Évaluation de l'architecture hybride

L'architecture hybride, associant MobileNetV2 et un mécanisme de *Multi-Head Attention*, constitue le socle de performance du modèle.

Nous avons initialement exploité les capacités visuelles de MobileNetV2, pré-entraîné sur ImageNet, pour bénéficier de ses descripteurs robustes, et pour optimiser l'extraction des caractéristiques propres aux nodules pulmonaires, nous avons procédé au dégel des 20 dernières couches de la base MobileNetV2. Cette approche permet de combiner la puissance d'extraction générique du modèle avec un raffinement local spécifique à nos données.

Parallèlement, le mécanisme de *Multi-Head Attention* permet au modèle de se focaliser sur les zones d'intérêt (les nodules) au sein des patches 2.5D, maximisant ainsi la précision diagnostique globale.

Cette architecture est plus équilibrée et met en avant la synergie entre le *fine-tuning* et l'attention. Elle explique parfaitement la montée en puissance de notre modèle, telle que démontrée par notre nombre de paramètres entraînaux.

4.4.3 Interprétation des performances cliniques

Les indicateurs de performance confirment la robustesse du système :

- Sensibilité élevée : Avec un rappel de 0,87 pour la classe « Nodule », le système minimise efficacement le risque de faux négatifs, un critère de sécurité primordial en contexte clinique pour éviter toute omission diagnostique.
- Capacité discriminante : La courbe ROC, affichant une AUC de 0,96, atteste d'une excellente capacité de discrimination globale entre les tissus sains et pathologiques.
- Gestion des faux positifs : Avec une précision de 0,76 pour la classe « Nodule », le système affiche une fiabilité solide. Ce taux de faux positifs est jugé tout à fait acceptable : dans une perspective d'aide au diagnostic, il est préférable de soumettre quelques zones suspectes supplémentaires à une vérification humaine par le radiologue plutôt que de risquer de ne pas détecter une lésion réelle.

4.4.4 Explicabilité (Performance qualitative)

Notre modèle intelligent est une boîte noire, afin de comprendre les performances il est crucial d'analyser le processus de décision du modèle. Pour cela, nous utilisons des techniques d'explicabilité basées sur des cartes d'activation. Ces visualisations permettent de mettre en évidence les zones de l'image scanner sur lesquelles le modèle concentre son attention pour formuler son diagnostic et sa décision finale (label 1 ou label 0).

L'utilisation de ces cartes répond à un double objectif :

- **Validation clinique** : Vérifier que le modèle se focalise sur les structures anatomiques pertinentes (les nodules pulmonaires) et non sur des artefacts de l'image.
- **Analyse des erreurs** : Identifier les causes des erreurs de classification. Lorsque le modèle échoue, les *heatmaps* révèlent si l'attention est mal orientée, expliquant ainsi les faux négatifs ou les faux positifs observés.

Le code couleur :

- **Le Rouge et l'Orange (Les couleurs « chaudes »)** : représentent les zones de forte activation, ce sont ces régions précises de l'image qui ont le plus pesé dans la décision du modèle de classer le scan comme "Nodule".
- **Le Jaune et le Vert** : représentent des zones d'activation modérée. Le modèle les considère comme utiles ou suspectes, mais moins déterminantes que les zones rouges pour sa conclusion finale.
- **Le Bleu (Les couleurs « froides »)** : représentent les zones de faible ou nulle activation. Le modèle considère que ces régions n'ont aucune importance pour diagnostiquer le nodule. Si ces zones sont sur du tissu sain ou du fond noir, cela confirme que le modèle ignore les éléments inutiles pour se concentrer sur la pathologie.

Pour appliquer l'Occlusion Sensitivity, nous avons utilisé une fenêtre coulissante de 4x4 pixels sur l'ensemble de l'image. À chaque itération, le patch ciblé est neutralisé par la valeur moyenne de l'image. Nous observons ensuite la chute du score de probabilité de sortie : une forte chute indique que la zone masquée contenait des caractéristiques déterminantes (morphologie du nodule), tandis qu'une absence de variation confirme que la zone était sans importance pour le diagnostic. La répétition de ce processus sur toute la grille permet de construire la *heatmap* finale.

Le choix d'un patch de 4x4 n'est pas aléatoire : comme l'image d'entrée est en 64x64, il représente donc 1/16ème de la largeur de l'image. C'est une granularité fine qui permet de voir si le modèle se focalise sur le cœur du nodule ou sur ses spicules (bordures).

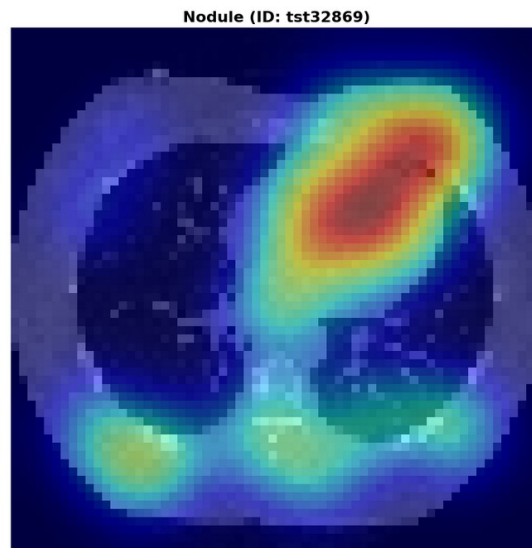


FIGURE 4.11 – Visualisation de l'explicabilité par carte d'activation sur une coupe de scanner pulmonaire

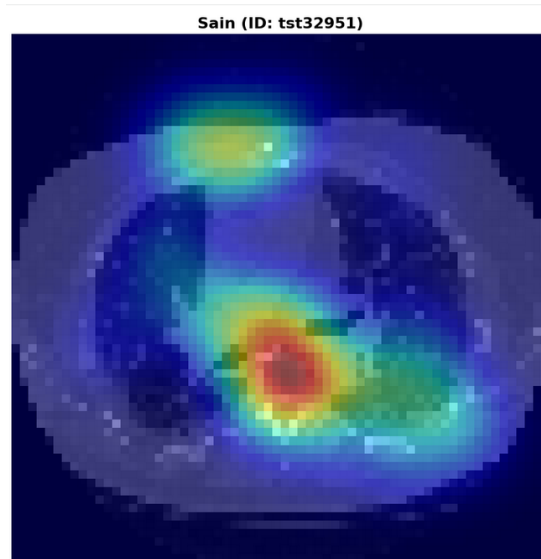


FIGURE 4.12 – Carte d'activation sur un cas sain (faux positif)

Cette figure présente une carte d'activation appliquée à une coupe scanographique classée comme 'Nodule'. L'analyse de cette carte permet de visualiser la pertinence décisionnelle du modèle. Nous observons une zone d'activation intense (couleurs rouge et orange) située de manière convergente sur la lésion pulmonaire, cette focalisation démontre que le modèle ne repose pas sur des artefacts de fond ou du bruit radiologique, mais qu'il extrait des caractéristiques morphologiques localisées correspondant effectivement à la pathologie.

Cette figure explique les faux positifs, elle représente une activation anormale sur une image classée comme 'Sain'. Le modèle a focalisé son attention sur des structures anatomiques normales mais complexes comme des gros vaisseaux qu'il confond avec des nodules, cela reste une limite de l'approche 2.5D.

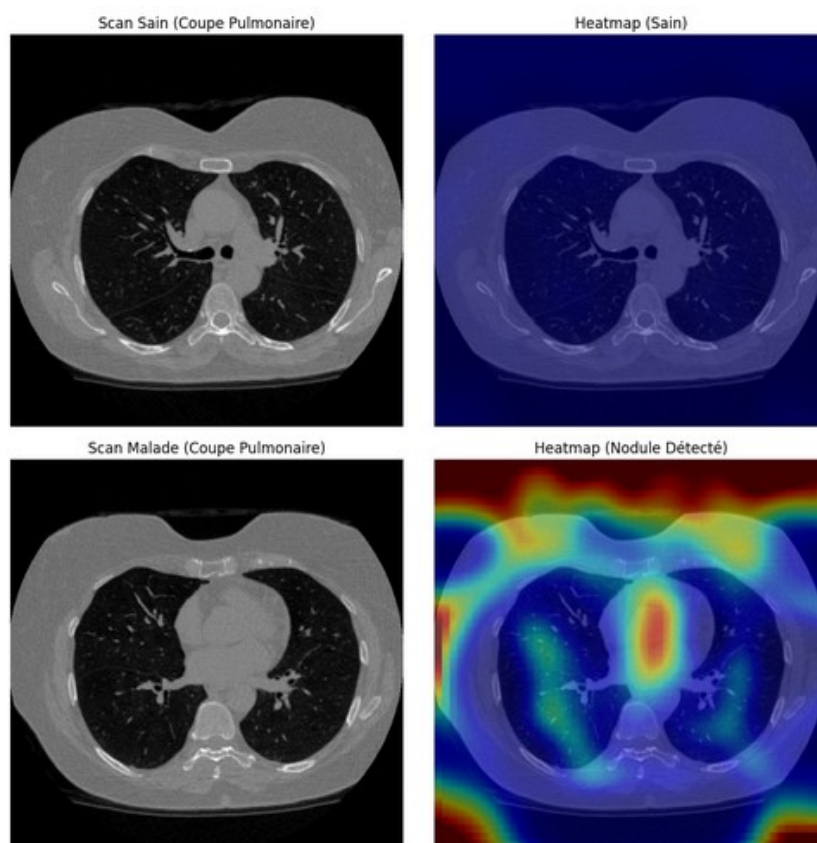


FIGURE 4.13 – Comparaison de l’explicabilité par cartes d’activation (Heatmaps) entre une coupe pulmonaire saine et une coupe présentant un nodule détecté

Cette figure représente un vrai négatif et un vrai positif, elle montre le comportement du modèle face à ces deux situations distinctes. Sur la partie supérieure, l’image "Scan Sain" présente une absence d’activation, ce qui confirme que le modèle n’a pas généré de fausses alertes sur ce tissu pulmonaire sain. À l’inverse, la partie inférieure illustre une détection sur un "Scan Malade" : la *heatmap* associée montre une concentration d’activation significative au niveau de la région suspecte.

4.4.5 Analyse critique et limites

Les performances obtenues confirment la pertinence de l’architecture hybride proposée, une analyse critique permet de nuancer ces résultats et d’identifier les axes d’amélioration futurs.

Bien que les données originales soient volumétriques (3D), nous avons fait le choix stratégique de privilégier une approche 2.5D. Cette décision repose sur deux facteurs déterminants :

- **Compatibilité et transfert d’apprentissage**
- **Optimisation des ressources**

Mais elle reste une approximation de la morphologie réelle du nodule. Le modèle repose sur la cohérence des trois coupes adjacentes, ce qui peut se révéler insuffisant pour des

nodules de très petite taille ou situés à proximité de structures anatomiques complexes.

L'augmentation du taux de faux positifs est la conséquence directe de notre optimisation pour une haute sensibilité. Dans une optique d'aide au diagnostic, il est cliniquement préférable de soumettre des zones saines à une vérification humaine plutôt que de risquer de manquer une pathologie réelle.

Le nombre important de faux positifs est justifié par la nature du signal : le "bruit" anatomique. Les poumons contiennent de nombreuses structures qui ressemblent visuellement à des nodules, tels que les vaisseaux sanguins qui peuvent apparaître comme un petit cercle blanc, très similaire à un nodule lors de l'extraction des patches.

4.4.6 Perspectives et améliorations

- **Intégration de données cliniques contextuelles** : Pour réduire le taux de faux positifs, nous optons pour une approche multi-modale, cela consiste à enrichir les entrées du modèle avec des métadonnées patient (âge, tabagisme, antécédents médicaux). Ce qui permet au modèle d'ajuster sa décision en fonction du risque patient.
- **Expansion du jeu de données et généralisation** : Bien que les performances soient robustes, la généralisation à des données multicentriques reste un défi. L'intégration de bases de données provenant de différents hôpitaux, avec des protocoles d'acquisition variés, permettrait de renforcer la robustesse du modèle face à la variabilité des équipements de scanner.
- **Optimisation de l'inférence** : Dans une optique de déploiement en temps réel sur des stations de travail radiologiques, des techniques d'optimisation telles que la quantification des poids du modèle ou l'élagage (*pruning*) pourraient être explorées. Ces méthodes réduiraient la charge computationnelle tout en préservant la précision diagnostique, facilitant ainsi l'intégration du système dans le flux de travail quotidien du radiologue.
- **Classification du caractère malin ou bénin des nodules** : une extension majeure de ce travail consistera à intégrer une étape de classification diagnostique. Une fois le nodule localisé par le modèle de détection, une seconde architecture sera déployée pour analyser le caractère malin ou bénin de la lésion.

4.5 Conclusion

Ce chapitre a été consacré à l'évaluation des performances du modèle hybride proposé pour la détection de nodules pulmonaires. En consolidant les bases de données LUNA16 et RadGenome, ce travail a bénéficié d'une variabilité accrue des protocoles d'acquisition, permettant d'entraîner le modèle sur des données plus représentatives de la réalité clinique. Les résultats obtenus, marqués par une sensibilité élevée de 87 % et une aire sous la courbe (AUC) de 0,96, démontrent la robustesse de l'approche 2.5D combinée à une architecture MobileNetV2 enrichie par un mécanisme de Multi-Head Attention.

Au-delà de la performance technique, ce projet apporte une valeur ajoutée concrète au flux de travail radiologique, en renforçant la généralisation à travers la combinaison des deux sources de données, ce qui a permis au système d'être moins sensible aux spécificités d'un seul équipement, garantissant une fiabilité accrue en environnement hospitalier.

Ces résultats ouvrent la voie à plusieurs axes d'amélioration, tels que l'évolution vers une approche multi-modale, intégrant des métadonnées patients (antécédents, âge, tabagisme), qui renforcera la précision décisionnelle du modèle. Enfin, l'extension du projet vers une classification diagnostique (malin/bénin) transformera cet outil en un véritable système d'aide au diagnostic (CAD), capable non seulement de détecter, mais aussi de caractériser la nature des lésions pour une meilleure priorisation des soins.

Conclusion générale

Dans un contexte mondial marqué par une incidence croissante des pathologies oncologiques, le cancer du poumon figure parmi les pathologies les plus fréquentes et les plus létales, représentant une cause majeure de mortalité par cancer. Face à ce défi sanitaire majeur, le besoin de systèmes de diagnostic précoce est devenu impératif pour améliorer le pronostic des patients.

L'intelligence artificielle est survenue grâce à sa capacité à traiter massivement des données d'imagerie et à identifier des motifs invisibles ou subtils pour l'œil humain, l'IA a permis surtout de réduire le temps de recherche des zones suspectes et d'augmenter la sensibilité de la détection, garantissant ainsi qu'aucune anomalie ne soit négligée, quelle que soit la charge de travail du service de radiologie.

Le développement de notre modèle de détection a suivi une méthodologie rigoureuse, articulée autour de trois piliers technologiques essentiels que nous avons approfondis tout au long de ce mémoire.

Le premier pilier concerne la préparation et l'optimisation des données. La mise en œuvre d'une extraction de patches 2.5D, couplée à des techniques avancées de normalisation, de recalibrage des intensités et de rééquilibrage des classes, a permis de constituer un corpus de données robuste. L'innovation majeure de cette phase a résidé dans la fusion de deux sources de données hétérogènes : la base LUNA16, dataset standardisé de référence, et la base Rad-ChestCT, qui reflète la réalité clinique et la diversité des cas observés en milieu hospitalier. Cette combinaison a permis d'accroître la capacité de généralisation de notre modèle, le rendant plus apte à traiter des données réelles variées.

Le second pilier repose sur l'architecture et l'apprentissage du modèle. Nous avons privilégié l'utilisation de MobileNetV2 pour sa capacité à extraire des descripteurs morphologiques complexes tout en répondant aux impératifs de légèreté et de rapidité d'inférence, essentiels pour une future intégration logicielle. L'intégration de mécanismes d'attention a été décisive dans ce travail ; elle a permis au modèle de focaliser son apprentissage sur les régions les plus pertinentes du parenchyme pulmonaire. Cette approche a permis de transformer un simple réseau de neurones en un outil capable de modéliser les caractéristiques discriminantes des nodules avec une efficacité accrue.

Le troisième pilier réside dans la validation clinique par l'interprétabilité. Le passage de la performance quantitative brute à l'explicabilité était indispensable pour garantir la confiance des praticiens. Par l'utilisation de méthodes d'Occlusion Sensitivity, nous avons levé le voile sur le processus décisionnel souvent qualifié de « boîte noire ». La confrontation visuelle entre les cartes d'activation (*heatmaps*) et les structures anatomiques patho-

logiques confirme que le modèle a réellement appris des caractéristiques morphologiques plutôt que de s'appuyer sur des corrélations statistiques fortuites.

Les résultats obtenus démontrent une capacité prometteuse à distinguer avec précision les structures nodulaires du parenchyme sain. Néanmoins, l'analyse critique de nos indicateurs de performance, notamment face aux cas de faux positifs, a mis en lumière une difficulté résiduelle : la similitude morphologique et densitométrique entre certains artefacts d'imagerie tels que le bruit de fond ou les vaisseaux sanguins en coupe transversale et les nodules de petite taille. Cette limite technique, inhérente à notre approche en 2.5D, souligne qu'en l'absence d'une information volumétrique 3D complète, le modèle peut parfois interpréter des superpositions anatomiques complexes comme des zones suspectes.

Cette limite ouvre des perspectives de recherche passionnantes. À court terme, l'amélioration du modèle pourrait passer par l'intégration d'architectures 3D complètes, capables d'analyser le volume pulmonaire dans sa totalité, ou par l'implémentation de mécanismes d'attention spatiale plus avancés. Par ailleurs, l'enrichissement de la base de données avec des cas cliniques plus atypiques permettrait d'affiner davantage la spécificité du modèle.

En conclusion, ce travail souligne que si l'intelligence artificielle est capable de détecter des anomalies subtiles avec une haute précision, elle doit demeurer un outil d'aide à la décision. Le diagnostic radiologique, de par sa complexité et ses enjeux éthiques, exige toujours la validation finale d'un expert humain. L'IA ne remplace pas le radiologue ; elle l'assiste, lui offrant une seconde lecture optimisée, plus rapide et sécurisée. Ce mémoire ouvre ainsi la voie à une intégration plus fluide des outils d'intelligence artificielle dans le flux de travail clinique quotidien, au bénéfice ultime d'une prise en charge plus précoce et d'une amélioration significative du taux de survie des patients. Au-delà de la technique, c'est cette vision centrée sur le patient qui guide le développement des outils de demain.

Bibliographie

- [1] Ali, A. (2023). Lung Cancer Detection Using Convolutional Neural Networks from Computed Tomography Images. *Journal of Computational Biology and Informatics*, 161–185. <https://jcabi.org/index.php/Main/article/view/161/185>
- [2] Ali, S., & Khan, R. (2023). End-to-End 2D Convolutional Neural Network Architecture for Lung Nodule Identification and Abnormal Detection in Cloud. *Computers, Materials & Continua*, 75(1), 51505–51521. <https://www.techscience.com/cmc/v75n1/51505/html>
- [3] Anadolu Medical Center. (n.d.). Ce qu’il faut savoir sur l’adénocarcinome pulmonaire. <https://anadolumedicalcenter.fr/ladenocarcinome-pulmonaire/>
- [4] Asha, V., & Bhavanishankar, K. (2025). Enhanced pulmonary nodule detection with U-Net, YOLOv8, and Swin Transformer. *BMC Medical Imaging*, 25, 1784. <https://link.springer.com/article/10.1186/s12880-025-01784-0>
- [5] Azencott, C.-A. (n.d.). *Introduction au machine learning* [Support de cours]. https://cazencott.info/dotclear/public/lectures/IntroML_Azencott.pdf
- [6] Bechar, A. (2023). Harnessing Transformers : A Leap Forward in Lung Cancer Image Detection [Preprint]. *arXiv*. <https://arxiv.org/abs/2311.09942>
- [7] Brocki, L. (2023). Integration of radiomics and tumor biomarkers in interpretable machine learning models. <https://www.mdpi.com/2072-6694/15/9/2459>
- [8] Centre Léon Bérard. (2022). Cancer du poudon. <https://www.centreleonberard.fr/patient-proche/cancer-pris-en-charge/cancer-du-poudon>
- [9] Centre Léon Bérard. (n.d.). Prévention et dépistage – Cancer du poudon. <https://www.centreleonberard.fr/patient-proche/cancer-pris-en-charge/cancer-du-poudon/prevention-et-depistage>
- [10] CHUV. (n.d.). Cancer du poudon. <https://www.chuv.ch/fr/cancer-du-poudon>
- [11] De Brauer, C. (2024). Cancers : incidence and survival in metropolitan France.
- [12] Debievre, D. (2025). Épidémiologie du cancer du poudon : évolution des vingt dernières années / Lung cancer epidemiology : evolution over the last twenty years.
- [13] Durand, E., & Blondiaux, E. (n.d.). Les fondamentaux – Chapitre 2 : Caractéristiques d’une image médicale. *CNP MN*. <https://www.cnp-mn.fr/les-fondamentaux-chapitre-2-caracteristiques-dune-image-medicale/>
- [14] Équipe éditoriale. (2025). Pourquoi le dépistage des nodules pulmonaires est important pour les soins précoces. *Anadolu Medical Center*. <https://continentalhospitals.com/fr/blog/why-lung-nodule-screening-is-important-for-early-care>

- [15] Fanizzi, A., Rossi, G., & Bianchi, F. (2023). Comparison between vision transformers and convolutional neural networks to predict non-small lung cancer recurrence. *Scientific Reports*, 13, 48004. <https://www.nature.com/articles/s41598-023-48004-9>
- [16] Fayette, J. (2025). Cancer du poumon (adénocarcinome). *Deuxième Avis*. <https://www.deuxiemeavis.fr/pathologie/cancer-du-poumon-adenocarcinome>
- [17] Fondation ARC. (n.d.). Quels sont les enjeux de la recherche sur le cancer du poumon? <https://www.fondation-arc.org/sinformer-sur-le-cancer/les-differents-cancers/le-cancer-du-poumon/quels-sont-les-enjeux-de-la-recherche-sur-le-cancer-du-poumon/>
- [18] Fondation pour la recherche médicale. (n.d.). Tout savoir sur les cancers des poumons. <https://www.frm.org/fr/maladies/recherches-cancers/cancer-du-poumon/focus-cancer-poumon>
- [19] Gai, L., Zhang, H., & Li, Q. (2023). Comparing CNN-based and transformer-based models for identifying lung cancer : Which is more effective? *Multimedia Tools and Applications*, 82, 24013–24029. <https://link.springer.com/article/10.1007/s11042-023-17644-4>
- [20] Gaiffe, C. (2018). *Le cancer du poumon : physiopathologie, traitements et accompagnement des patients à l'officine* (Thèse de master). Université de Lorraine. https://hal.univ-lorraine.fr/hal-03297576v1/file/BUPHA_T_2018_GAIFFE_CORALIE.pdf
- [21] Gaiffe, C. (n.d.). *Le cancer du poumon : physiopathologie, traitements et accompagnement des patients à l'officine*. https://hal.univ-lorraine.fr/hal-03297576v1/file/BUPHA_T_2018_GAIFFE_CORALIE.pdf
- [22] Gal, J. (2019). *Application d'algorithmes de machine learning pour l'exploitation de données omiques en oncologie* [Thèse de doctorat, Université Côte d'Azur]. HAL Open Science. <https://theses.hal.science/tel-03917512v1/file/2019AZUR6026.pdf>
- [23] Gan, W., & Zhang, Y. (2022). Automatic segmentation of lung tumors on CT images based on a 2D & 3D hybrid convolutional neural network. *PMC*. <https://pmc.ncbi.nlm.nih.gov/articles/PMC9328064/>
- [24] Grolleau, E. (n.d.). *Nodules pulmonaires et pleurésies malignes* (9e éd.).
- [25] Gu, H., Chen, J., & Li, X. (2021). A 2D–3D hybrid convolutional neural network for lung lobe auto-segmentation on standard slice thickness computed tomography of patients receiving radiotherapy. *BioMedical Engineering OnLine*, 20, 91. <https://link.springer.com/article/10.1186/s12938-021-00932-1>
- [26] Holdsworth, J., & Scapicchio, M. (2024). What is deep learning? *IBM Think*. <https://www.ibm.com/think/topics/deep-learning>
- [27] InfoCancer. (n.d.). Cancer du poumon. <https://www.arcagy.org/infocancer/localisations/appareil-respiratoire-ori/cancers-poumon/maladie/1-epidemiologie.html>
- [28] International Conference on Information Technology, Information Systems and Electrical Engineering. (2024). A comparative study on lung nodule detection : 3D CNN vs Vision Transformer. *IEEE*. <https://ieeexplore.ieee.org/document/10729900>
- [29] K., A. (n.d.). Lung cancer prediction using CNN and transformer [PDF]. *IRJ Web*. <https://www.irjweb.com/LUNG%20CANCER%20PREDICTION%20USING%20CNN%20AND%20TRANSFORMER.pdf>

- [30] K., M., & L., P. (2025). A novel approach to integrating vision transformers and machine learning for robust lung nodule classification using CT imaging. *Journal of Imaging*, 11, 384. <https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S168785072500384X>
- [31] Kalkan, M., Guzel, M. S., Ekinici, F., Akcapinar Sezer, E., & Asuroglu, T. (2024). Comparative analysis of deep learning methods on CT images for lung cancer specification. *Cancers*, 16(19), 3321. <https://doi.org/10.3390/cancers16193321>
- [32] Keith, R. L. (2023). Présentation des tumeurs pulmonaires. *MSD Manuals*. <https://www.msdmanuals.com/fr/accueil/troubles-pulmonaires-et-des-voies-a%C3%A9riennes/tumeurs-pulmonaires/pr%C3%A9sentation-des-tumeurs-pulmonaires>
- [33] Keith, R. L. (2025). Cancer du poumon. *MSD Manuals*. <https://www.msdmanuals.com/fr/professional/troubles-pulmonaires/tumeurs-pulmonaires/cancer-du-poumon>
- [34] Kim, J., & Lee, S. (2022). Unsupervised contrastive learning based transformer for lung nodule detection [Preprint]. *arXiv*. <https://arxiv.org/pdf/2205.00122>
- [35] Lacroix, G. (2025). Quelles sont les limites de l'IA et du machine learning? *STID France*. <https://stid-france.fr/quelles-sont-les-limites-de-lia-et-du-machine-learning/>
- [36] Le Lab de la Sécurité sociale. (2024). L'intelligence artificielle : Définitions et historique. <https://lab.securite-sociale.fr/files/live/sites/sitelab/files/documents/Veille/2024-10/IA%20d%C3%A9finitions%20et%20historique.pdf>
- [37] Li, H., & Chen, Y. (2023). Accurate classification of lung nodules on CT images using the TransUnet. <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/36544802/>
- [38] Lin, C. J., Jeng, S. Y., & Chen, M. K. (2020). Using 2D CNN with Taguchi parametric optimization for lung cancer recognition from CT images. *Applied Sciences*, 10(7), 2591. <https://www.mdpi.com/2076-3417/10/7/2591>
- [39] Liu, R.-S. (2023). The predictive accuracy of CT radiomics combined with machine learning in predicting the invasiveness of small nodular lung adenocarcinoma. <https://tlcr.amegroups.org/article/view/73640/html>
- [40] Ma, L., Zhang, Y., & Li, Q. (2023). TiCNet : Transformer in Convolutional Neural Network for Pulmonary Nodule Detection on CT Images. *Journal of Digital Imaging*, 36, 202–214. <https://link.springer.com/article/10.1007/s10278-023-00904-y>
- [41] Mamun, M. (2023). LCDctCNN : Lung Cancer Diagnosis of CT Scan Images Using CNN Based Model [Preprint]. *arXiv*. <https://arxiv.org/pdf/2304.04814>
- [42] Manikandan, J. (2024). Enhancing Lung Nodule Classification : A Novel CViEBi-CBGWO Approach with Integrated Image Preprocessing. *PMC*. <https://pmc.ncbi.nlm.nih.gov/articles/PMC11522259/>
- [43] Mastouri, R., & El-Baz, A. (2020). Transfer learning vs. fine-tuning in bilinear CNN for lung nodules classification on CT scans. *ResearchGate*. https://www.researchgate.net/publication/347819204_Transfer_Learning_Vs_Fine-Tuning_in_Bilinear_CNN_for_Lung_Nodules_Classification_on_CT_Scans
- [44] Microblink. (n.d.). Pretreatment des images. <https://microblink.com/fr/resources/glossary/image-pre-processing/>

- [45] Molina, J. R., Yang, P., Cassivi, S. D., Schild, S. E., & Adjei, A. A. (n.d.). Non-small cell lung cancer : Epidemiology, risk factors, treatment, and survivorship. *Mayo Clinic Proceedings*. [https://www.mayoclinicproceedings.org/article/S0025-6196\(11\)60735-0/abstract](https://www.mayoclinicproceedings.org/article/S0025-6196(11)60735-0/abstract)
- [46] Musthafa, M., Manimozhi, I., Mahesh, T. R., & Guluwadi, S. (2024). Optimizing double-layered convolutional neural networks for efficient lung cancer classification through hyperparameter optimization and advanced image pre-processing techniques. *BMC Medical Informatics and Decision Making*, 24, 142. <https://link.springer.com/article/10.1186/s12911-024-02553-9>
- [47] National Cancer Institute. (n.d.). Lung cancer—Patient version. <https://www.cancer.gov/types/lung>
- [48] Nexa. (n.d.). Convolutional neural network (CNN) : Qu'est-ce que c'est ? <https://www.nexa.fr/post/convolutional-neural-network>
- [49] Nissar, A., & Mir, A. H. (2024). Proficiency evaluation of shape and WPT radiomics based on machine learning for CT lung cancer prognosis. <https://link.springer.com/article/10.1186/s43055-024-01223-0>
- [50] Noreen, M., & Shaukat, F. (2025). Lung Nodule-SSM : Self-Supervised Lung Nodule Detection and Classification in Thoracic CT Images [Preprint]. *arXiv*. <https://arxiv.org/pdf/2505.15120>
- [51] Osama, M. (2025). Comparative analysis of machine learning models for lung cancer detection using CT scan images. <https://journal.50sea.com/index.php/IJIST/article/view/1223/1814>
- [52] Paul, R., & Kumar, P. (2020). Convolutional neural network ensembles for accurate lung nodule malignancy prediction 2 years in the future. *Computers in Biology and Medicine*, 124, 103967. <https://www.sciencedirect.com/science/article/abs/pii/S0010482520302341>
- [53] Praedict IA. (n.d.). L'histoire de l'intelligence artificielle (IA). <https://praedictia.com/page/lintelligence-artificielle/lhistoire-de-lia.html>
- [54] R., A., & S., B. (2023). Lung nodule detection in chest CT images based on vision transformer network with Bayesian optimization. *Journal of Biomedical Informatics*, 148, 104626. <https://www.sciencedirect.com/science/article/abs/pii/S1746809423002999>
- [55] RespiFi. (n.d.). Tomodensitométrie thoracique (TDM). <https://respifil.fr/maladies-rares/examens/tomodensitometrie-tdm-thoracique-ou-scanner/>
- [56] RespiFil. (n.d.). Fonction pulmonaire. <https://respifil.fr/maladies-rares/fonction-pulmonaire/>
- [57] Retengr. (n.d.). Deep learning : Définition, applications, avantages et inconvénients. <https://www.retengr.com/le-blog/deep-learning-definitions-applications-avantages-inconvenients>
- [58] Shah, A. A., Malik, H. A. M., Muhammad, A., & Alourani, A. (2023). Deep learning ensemble 2D CNN approach towards the detection of lung cancer. *Scientific Reports*, 13, 2987. <https://www.nature.com/articles/s41598-023-29656-z>
- [59] Shah, R. P. (2021). Machine learning radiomics model for early identification of small-cell lung cancer on computed tomography scans. <https://ascopubs.org/doi/10.1200/CCI.21.00021>
- [60] Shen, W., Zhou, M., Yang, F., Yang, C., & Tian, J. (2017). Using deep learning for classification of lung nodules on computed tomography images. *Journal of Heal-*

- thcare Engineering*, 2017, 8314740. <https://onlinelibrary.wiley.com/doi/10.1155/2017/8314740>
- [61] Siddiqui, F., Vaqar, S., & Siddiqui, N. (2023). Lung Cancer. *NCBI Bookshelf*. <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/books/NBK482357/>
 - [62] Université de Batna. (n.d.). Introduction à l'imagerie médicale. https://sc-st.univ-batna2.dz/sites/default/files/sc_st/files/imagerie_medicale.pdf
 - [63] Université de Tlemcen. (n.d.). L'intelligence artificielle dans le domaine médical. <https://dspace.univ-tlemcen.dz/server/api/core/bitstreams/3a2c1ce3-4d31-42bb-ab1e-96822ac398a0/content>
 - [64] V., A., & K., B. (2025). Advanced Lung Nodule Segmentation and Classification for Early Detection of Lung Cancer using SAM and Transfer Learning [Preprint]. *arXiv*. <https://arxiv.org/pdf/2501.00586>
 - [65] Vidal. (2022). Tomographie par émission de positons (TEP/PET-scan). <https://www.vidal.fr/sante/examens-tests-analyses-medicales/tomographie-emission-positons-petscan.html>
 - [66] Vivre avec le cancer du poumon. (n.d.). Analyse mutationnelle dans le cas du cancer du poumon. <https://www.vivre-avec-le-cancer-du-poumon.ch/information-sur-le-cancer-du-poumon/diagnostic/analyse-mutationnelle-dans-le-cas-du-cancer-du-poumon>
 - [67] Wang, L., & Chen, J. (2024). A hybrid CNN-Transformer model for predicting N staging and survival in non-small cell lung cancer patients based on CT-scan. *Tomography*, 10(10), 123. <https://www.mdpi.com/2379-139X/10/10/123>
 - [68] Wasserman, J. (2025). Large cell neuroendocrine carcinoma of the lung. *My-PathologyReport*. <https://www.mypathologyreport.ca/fr/diagnosis-library/large-cell-neuroendocrine-carcinoma-of-the-lung/>
 - [69] Wikipedia. (n.d.). Bronche. <https://fr.wikipedia.org/wiki/Bronche>
 - [70] Wikipédia. (n.d.). Apprentissage automatique. https://fr.wikipedia.org/wiki/Apprentissage_automatique
 - [71] World Health Organization. (2022). Global cancer statistics 2022 : Globocan 2022. <https://www.who.int/news-room/fact-sheets/detail/lung-cancer>
 - [72] Wu, Y. (2024). S3TU-Net : Structured Convolution and Superpixel Transformer for Lung Nodule Segmentation [Preprint]. *arXiv*. <https://arxiv.org/pdf/2411.12547>
 - [73] Xu, Y. M., Liu, F., & Wang, X. J. (2020). Deep learning in CT images : Automated pulmonary nodule detection for subsequent management using convolutional neural network. *Cancer Management and Research*, 12, 10341–10355. <https://www.dovepress.com/deep-learning-in-ct-images-automated-pulmonary-nodule-detection-for-su-peer-review>
 - [74] Zhang, X., & Wu, Y. (2024). A lightweight dual-output vision transformer for enhanced lung nodule classification using CT images. <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/40836850/>
 - [75] Zhang, Y. (2023). Global variations in lung cancer incidence by histological subtype in 2020 : a population-based study. <https://www.iarc.who.int/fr/news-events/global-variations-in-lung-cancer-incidence-by-histological-subtype-in-2020-a-population-based-study>
 - [76] Zhu, J., Tao, J., Zhang, F., Yao, J., Chen, K., Wang, Y., Lu, X., Ni, B., & Zhu, M. (2025). Machine learning algorithms for predicting malignancy grades of lung adenocarcinoma and guiding treatments : CT radiomics-based comparisons. *Journal of Thoracic Disease*, 17(4), 2423–2440. <https://doi.org/10.21037/jtd-2025-310>

- [77] Zhu, Q., Li, Y., & Wang, H. (2023). Cross-ViT based benign and malignant classification of pulmonary nodules. *PLOS ONE*, 18(3), e0318670. <https://journals.plos.org/plosone/article?id=10.1371/journal.pone.0318670>
- [78] Zouaouia, C. (2025). An anatomical pathology and immunohistochemistry analysis of lung cancer patients at the Military Hospital of Oran (Algeria).