

Faculté des Sciences Exactes et de l'Informatique
Département de Mathématiques et d'Informatique
Filière : Informatique

MEMOIRE DE FIN D'ETUDES
Pour l'Obtention du Diplôme de Master en Informatique
Option : **Ingénierie des Systèmes d'Information**

THEME :

Etude comparative entre méthode immunitaire et
neuronale appliqué sur une base de cancer du sein

Etudiant(e) : « **Taoui Nassima** »

Encadrant(e) : « **Djahafi .F** »

Liste des abréviations :

AIS : Système Immunitaire Artificiel.

NIS : Système Immunitaire Naturel.

PMC : Perceptron Multi Couches

AISEC : Artificiel immune système E-mails Classification

AIRS : **Artificial Immune Recognition System**

EMQIA : Evolutionary Artificial Immune System for Multi-Objective Optimization

AISIID : Artificial Immune System for Interesting Information Discovery on the web

Liste des tables

Tableau I.1 : Les principales caractéristiques de l’immunité Innée et de l’adaptative	6
Tab II.1. Les travaux sur l’AIS.....	11
Tab.III.21 es stations importantes du Réseaux de Neurones.....	30
Tab IV.1 les attributs de la base Wisconsin.....	42
Table IV.2 Base de données breast-cancer-wisconsin.....	44
Table IV.3 Table des Expériences.....	48
Table IV.4 les résultat de première expérience.....	49
Table IV.5 Distribution des anticorps et des antigènes.....	50
Table IV.6 es résultat de deuxième expérience.....	51

Liste des figures :

Figure I.1. Structure d'un antigène avec ses épitopes	4
Figure I.2. l'hérarchie de système immunitaire.....	4
Figure I.3. Schéma des cellules immunitaires.....	5
Figure I.4. cellule Macrophage.....	5
Figure. I.5. Cellule B et cellule T.....	6
Figure I.6. Déroulement d'une réponse immunitaire.....	8
Fig.II.1.processus de modélisation des AIS.....	12
Fig.II.2. La première partie de la sélection négative.....	14
Fig.II.3. La deuxième partie de la sélection négative.....	15
Figure II.4 Initialisation de la population d'anticorps (cellules B).....	15
Figure II.5. Cellules B activées.....	16
Figure II.6 Cellules B clonées.....	16
Figure II.7 Maturation des cellules B.....	17
Figure II.8 Nouvelle population d'anticorps.....	17
Figure II.9 Diversification de la population d'anticorps.....	18
Fig. II.10. Exemple de regroupement des données.....	19
Fig. II.11. Réseau immunitaire généré par AiNet.....	19
Figure III.12. Organigramme de l'apprentissage CLONCLAS.....	23
Figure III.13. Organigramme de la classification CLONCLAS.....	25
Figure. III.1. Réseau de neurones biologique.....	28
Figure III.2. Un neurone biologique et un neurone formel.....	29
Figure. III.3. Réseau de neurones formels.....	29
Figure . III.4. Réseau de neurones non bouclés	31
Figure. III.5. Réseau de neurones bouclés.....	32
Figure. III.6. Modèle de Hopfield.....	33
Figure. III.7. Modèle de Kohonen.....	33

Liste des figures

Figure. III.8. Séparation linéaire par Réseau Adaline	34
Figure. III.9. Réseau de Neurones PMC.....	35
Figure. III.10. Organigramme d'algorithme d'apprentissage de PMC.....	36
Figure.III.11.organigramme d'algorithme de classification de PMC.....	37
Figure.III.12.organigramme de l'algorithme de Rétropropagation des erreurs.....	38
Figure IV.1 fenêtre principal.....	45
Figure IV.2 chargement de base de donnée.....	46
Figure IV.3 Classification avec CLONCLASS.....	47
Figure .IV.4 Classification avec PMC.....	47
Figure .IV.4 Diagramme de comparaison des résultats.....	52

I.1. Introduction :

Le corps humain est un ensemble de systèmes complexes et très variés, L'étude du corps humain à toujours suscite une très grande attention pour sa grande complexité. Nous nous intéresserons dans le cadre de ce chapitre à un sous système très particulier et très important dans le corps humain qui est le système immunitaire naturel. Le présent chapitre décrit systèmes immunitaires naturels, ses constituent, son architecture, ses réactions, ses caractéristiques.

I.2.Définition :

Le système immunitaire est un moyen de défense remarquable qui existe chez de très nombreux organismes comme les insectes, les plantes etc. Mais dont la forme la plus évoluée est retrouvée chez les vertébrés supérieurs. Il consiste en un ensemble de moyens (organes, tissus, cellules et molécules) permettant de répondre rapidement, de façon souvent spécifique et efficace contre les nombre pathogènes auxquels nous sommes confrontés [1].

I.3. Concepts Immunologiques :

Le système immunitaire peut être vu sous différents angles. Nous pouvons le considérer en tant qu'un ensemble d'organes, molécules ou cellules.

I.3. 1. Organes Immunitaires :

Le système immunitaire est constitué principalement de[2]:

- ✚ **Moelle osseuse** : Lieu de maturation des lymphocytes B.
- ✚ **Thymus** : Dans le bas du cou, constitue le site de maturation des lymphocytes T.
- ✚ **Vaisseaux lymphatiques** : Transportent la lymphe, les vaisseaux lymphatiques sont situés dans tout le corps.

I.3. 2. Cellules Immunitaires :

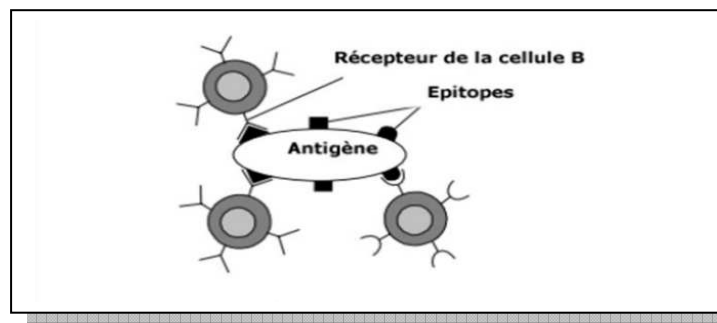
Si par contre nous considérons les cellules du système immunitaire, impliquées dans la défense sont les globules blancs appelées leucocytes. Ces dernières se trouvent dans le sang et la lymphe. Il existe différents types de globules blancs (leucocytes), les plus importantes sont les lymphocytes. Chez l'homme les lymphocytes représentent 5 à 15% des lymphocytes anguin et se compose de [3] :

- ✓ Lymphocytes B
- ✓ Lymphocytes T
- ✓ Anticorps

I.3. 3. Antigènes :

Corps étrangère, identifiée comme telle par le système immunitaire qui produit des anticorps dirigés spécifiquement contre cette substance. Les antigènes sont généralement de protéines contenues dans des cellules ou des corps étrangers (globules rouges , transfusés ,organes greffés, bactéries, virus...), ou présentes dans l'environnement (pollens). La réaction antigène-anticorps est la base de l'immunité. Elle assure notre protection contre les infections. Mais cette réaction peut également être nocive lorsqu'elle est disproportionnée ou inappropriée : réaction allergique.[4]

La figure suivante présente cette réaction



FigureI.1. Structure d'un antigène avec ses épitopes

I.4. Architecture de système immunitaire :

Le système immunitaire est divisé en deux systèmes de défenses principaux: le système immunitaire inné, qui représente les défenses présentes dès la naissance de l'individu ; et le système immunitaire adaptatif, c'est l'ensemble des défenses apprises ou acquises au cours du temps [5].

Les cellules qui forment le système immunitaire sont appelées leucocytes. La hiérarchie de cette famille est montrée dans la figure .2

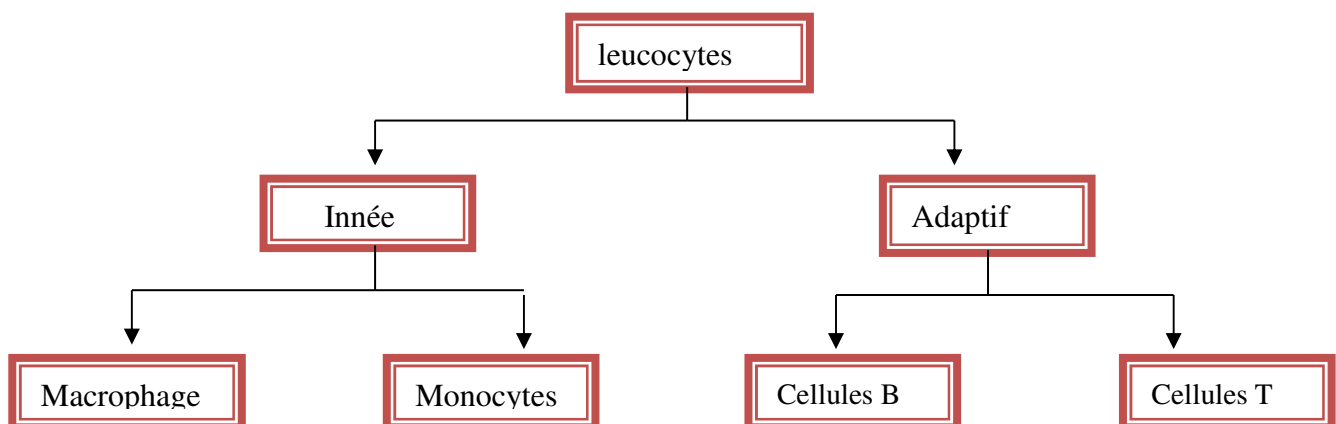


Figure.I.2. l'hiérarchie de système immunitaire

Le système immunitaire naturel est composé des Leucocytes ou globules blancs : sont des cellules produites dans la moelle osseuse et présentes dans le sang, la lymphe, les organes lymphoïdes (ganglions, rate, amygdale et végétations adénoïdes et plaques de Peyer) et de nombreux tissus conjonctifs de l'organisme.

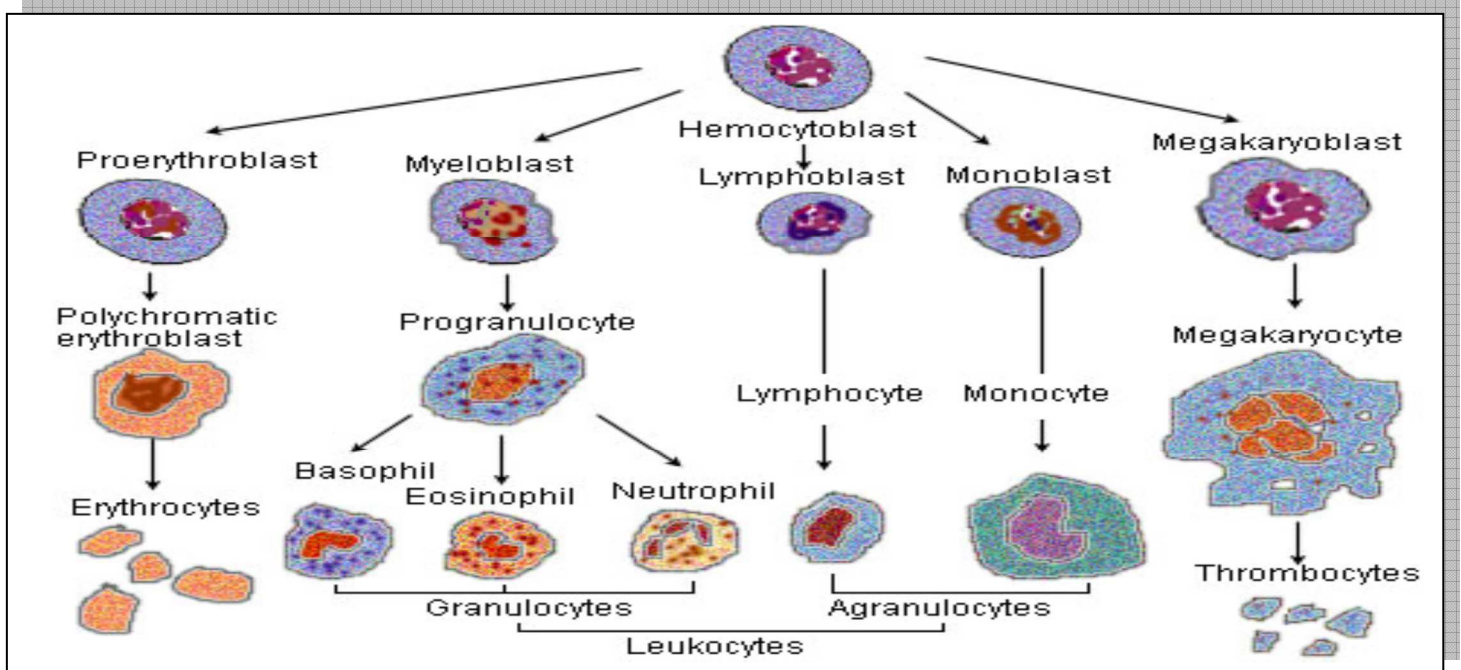


Figure I.3. Schéma des cellules immunitaires

I.4.1. Le système immunitaire inné :

Le système immunitaire inné forme la première ligne de défense contre les antigènes et inclut des éléments tels que la peau et les muqueuses.

Il utilise différents mécanismes tel que la toux, l'éternuement, les larmes ainsi que la salive pour éliminer les agents nocifs. Cette couche du système immunitaire est capable de détruire une grande variété d'antigènes au premier contact. La réponse est systématique et c'est la même chez tous les individus.

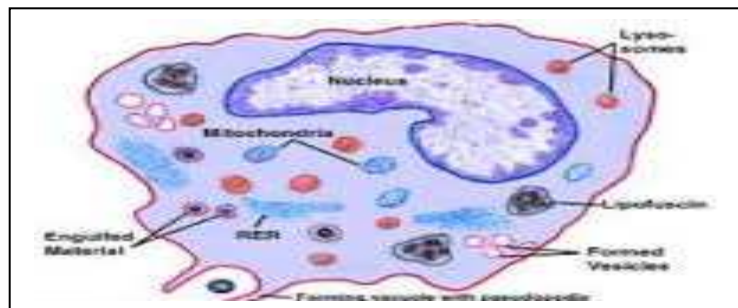


Figure.I.4. cellule Macrophage

I.4.2._Le système immunitaire Adaptif_:

La réponse immunitaire adaptative est responsable de la protection de l'organisme contre les microorganismes infectieux non rencontrés auparavant. Ce système est capable d'apprendre et de se rappeler les formes moléculaires présentées par les antigènes. Les cellules impliquées dans la réponse immunitaire adaptative sont appelées lymphocytes, et peuvent être divisés en deux catégories : les cellules B et les cellules T. les cellules B se développent dans la moelle et les cellules T dans le Thymus[6].

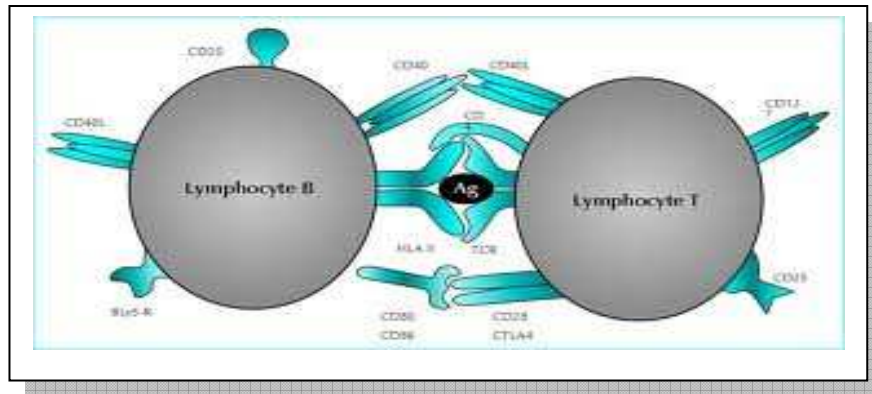


Figure. I.5. Cellule B et cellule T

Le tableau suivant retrace les différences fondamentales entre ces deux types de défenses.

Immunité innée	Immunité adaptative
Nombre important de cellules capables d'attaquer le pathogène	Nombre très faible de cellules spécifiques du pathogène
Immédiate	Retardée
Non spécifique d'antigènes	Spécifique d'antigènes
Pas de mémoire immunitaire	Mémoire immunitaire
Pas de différence entre réponse primaire et secondaire	Réponse secondaire plus rapide et plus efficace


Tableau I.1 : Les principales caractéristiques de l'immunité Innée et de l'adaptative


La réponse immunitaire innée est rarement intéressée par les informaticiens, à cause de ces capacités statiques, réagissant à l'infection sans pour autant apprendre à y répondre de manière plus efficace. La réponse immunitaire adaptative est d'un grand intérêt dans le domaine informatique, principalement grâce à ses capacités d'apprentissage adaptatif et de mémorisation.


I.5. Propriétés du système immunitaire :


Avec des propriétés très importantes, il devient une référence précieuse et une source d'inspiration pour les nouvelles branches de l'informatique. Beaucoup de travaux de recherche ont vu le jour en s'inspirant du fonctionnement de ce dernier.


Voici quelques unes des propriétés les plus importantes du système immunitaire :


 **Multicouche** : Le système immunitaire possède une architecture multicouche qui consiste en deux sous-systèmes inter-liés qui sont : le système immunitaire inné et le système immunitaire adaptatif. Ces deux systèmes combinent leurs tâches et responsabilités pour assurer la protection et la sécurité globale.


 **Unicité** : Chaque élément dans le système immunitaire assume des responsabilités particulières.


 **Autonomie** : Le système immunitaire humain ne possède aucun contrôle central ou un gestionnaire particulier. Il possède une autonomie globale dans la détection et l'élimination des intrus.


 **Distribution** : Les cellules immunitaires et les molécules sont distribuées dans le corps humain pour assurer sa protection. Il n'existe pas un point de contrôle centralisé.


 **Parallélisme** : Le système immunitaire est capable de produire plusieurs réponses immunitaires en même temps à des endroits dispersés.

 **Tolérance au soi** : Le système immunitaire humain peut différencier entre les cellules de soi et les cellules de non soi.

 **Apprentissage** : Le système immunitaire augmente la capacité d'identification des anticorps à un antigène sélectif (les réponses primaire et secondaire). Il apprend continuellement les structures de pathogènes.

 **Adaptabilité** : Le système immunitaire humain permet la production des cellules de plus en plus spécialisées pour l'identification des antigènes. Cela est garanti par la théorie de la sélection clonale suivie par le mécanisme de l'hyper mutation somatique.

 **Mémorisation** : Après une réponse immunitaire à un antigène donné, un ensemble de cellules constituent l'ensemble des cellules mémoires qui seront dotées pour une durée de vie longue afin de fournir des réponses immunitaires plus rapides et plus puissantes aux rencontres suivantes d'un même antigène.

 **Détection** : Le système immunitaire est capable d'identifier et de détecter les intrus dans le corps sans aucune connaissance antérieure de la structure de ces intrus.

I.6. Déroulement d'une réponse immunitaire :

Dès la pénétration d'une substance antigène, elle se fait phagocyter (englober et digérer) par un macrophage qui lui extrait des fragments (peptides antigéniques) et les expose à sa surface sur sa membrane avec l'aide des molécules de présentation, les molécules du système d'histocompatibilité. Cette présentation sur la membrane permet la reconnaissance de la substance par les lymphocytes T Figure.5. Chaque lymphocyte T ne reconnaît qu'un seul type d'antigène ce qui identifie une réponse spécifique (immunité innée) qui est lente à se déclencher mais très efficace.

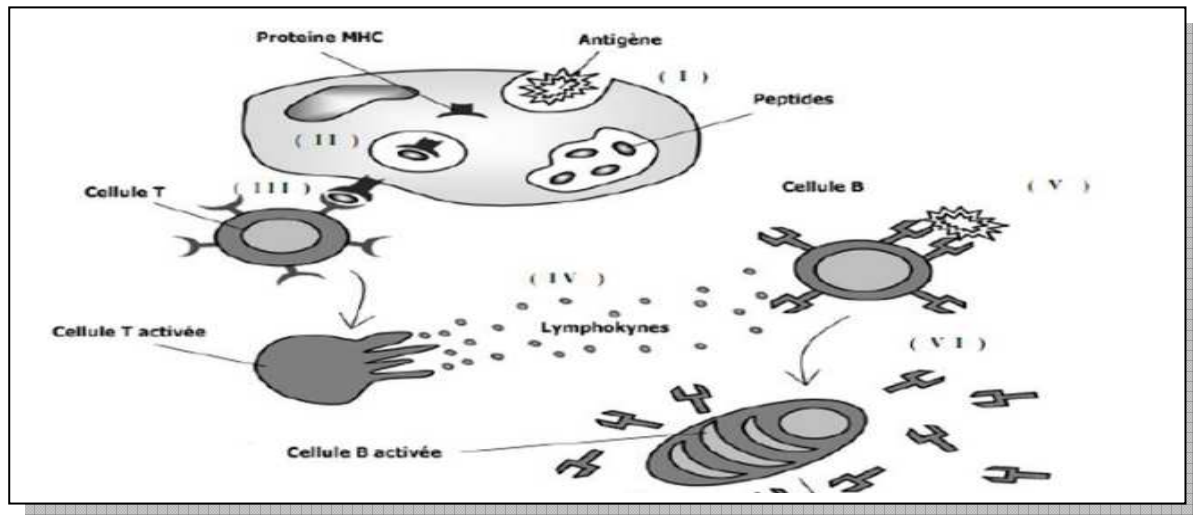


Figure.I.6. Déroulement d'une réponse immunitaire

Les lymphocytes T auxiliaires sont activés et sécrètent des cytokines qui se comportent comme des facteurs de croissance permettant la multiplication des lymphocytes T et B ou des facteurs de différenciation permettant de produire des anticorps (réponse humorale) ou des facteurs d'activation permettant d'activer des cellules (réponse immunitaire cellulaire). Certains de ces lymphocytes T auxiliaires constituent des cellules mémoires [7].

I.7. Conclusion :

Le système immunitaire est censé se défendre contre les agressions extérieures grâce à des mécanismes qui permettent d'éliminer le non-soi. Or, pour établir un rôle défensif, le système immunitaire doit exhiber des propriétés qui sont typiquement cognitives : la reconnaissance des formes moléculaires étrangères, l'apprentissage de nouvelles formes et la mise en mémoire de ces formes.

II.1.Introduction :

L'étude du corps humain à toujours suscité une grande attention du fait de sa grande complexité. Notre domaine de recherche se base principalement sur l'extraction des métaphores utiles, à partir des systèmes biologiques, afin de créer des solutions informatiques efficaces aux problèmes complexes.

Plus récemment, on assiste à un intérêt croissant accordé à l'utilisation d'un autre système biologique qui est « le Système Immunitaire » comme source d'inspiration qui est doté de capacité de traitement de l'information y compris l'identification du modèle, l'apprentissage, la mémorisation. Ce domaine de recherche est appelé "**le Système Immunitaire Artificiel**".

Dans ce chapitre nous allons présenter le fonctionnement des systèmes immunitaires artificiels, quelques travaux basés sur ces derniers ainsi que ces algorithmes.

II.2.Définition :

Un Système Immunitaire Artificiel "AIS" est une catégorie d'algorithme d'optimisation, inspirée par les principes et le fonctionnement du système immunitaire naturel des vertébrés. Ces algorithmes exploitent typiquement les caractéristiques du *NIS* pour ce qui est de l'apprentissage et de la mémorisation comme moyen de résolution de problèmes. Ils sont liés à l'intelligence artificielle et très proche des travaux sur les algorithmes génétiques[08].

II.2.Historique :

Très rapidement, des chercheurs ont compris l'intérêt qu'il pourrait y avoir à modéliser une adaptation de tout ou partie du système immunitaire pour répondre à certaines tâches des systèmes d'information, et notamment celles relatives à la sécurité. On peut estimer que la recherche sur les systèmes immunitaires artificiels a débuté vers la fin des années 70 avec un article de Farmer sur les réseaux immunitaires[9].

Ce n'est toutefois que vers le milieu des années 90 que l'AIS devient un sujet prisé. On mentionne les travaux de Forrest sur la sélection négative (1994) [10] aussi les travaux de Hunt et Cooke (1995) qui initièrent un axe de recherche sur les modèles de systèmes immunitaires appliqués à la protection des réseaux. Dans le domaine particulier de l'approche immunitaire appliquée à la détection d'intrusions, des travaux de mise au point de systèmes immunitaires efficaces contre les virus informatiques ont été menés dès les années 90.

Le premier livre sur les Systèmes Immunitaires Artificiels a été écrit par Dasgupta en 1999. Timmis et Neal ont poursuivi ce travail. Plus récemment, le travail sur la "sélection clonale" en 2002 de De Castro, Von Zuben's, a éveillé le plus vif intérêt dans la communauté des chercheurs de l'AIS [11].

II.3. Quelques travaux sur AIS [12] [13] [14] :

2011Date	Auteur	Le travail	Description
1997	Lee et Sm	Robotique	Elaboration des robots en basant sur les AIS
2002	A. Secker J. Timmis A. Fretas	AISEC	Algorithme capable de classer les lettres électroniques
2001	A. Watkins J. Timmis I. Bogges	AIRS	AIRS est un algorithme puissant pour la reconnaissance des formes
2005	K.C. Tan C.K. Goh A.A. Mamun	EMQIA	Evaluation des AIS pour pour l'optimisation multi objectifs
2008	A. Secker J. Timmis A. Fretas	AIISID	Système pour la découverte intéressent de l'information sur le web

Tab II.1. Les travaux sur l'AIS

II.4. Modélisation des AIS[15] :

Le modèle commun connu sous le nom du Framework des systèmes immunitaires artificiels, définit les règles que doit respecter un AIS ainsi que les processus à suivre pour l'élaboration de nouvelles approches.

La figure suivante montre le prototype conceptuel pour concevoir un Framework pour les Systèmes Immunitaires Artificiels.

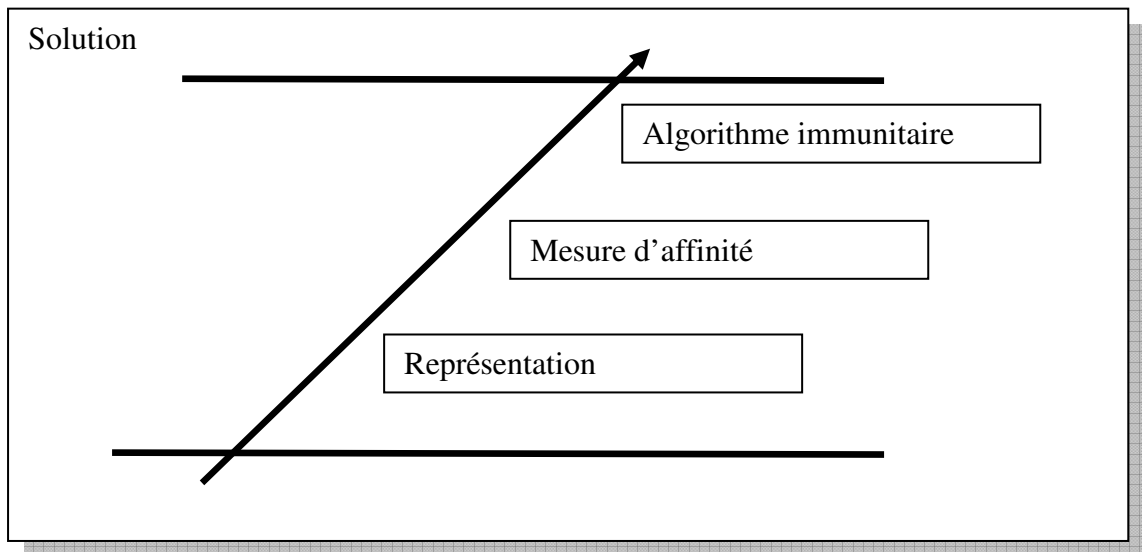


Fig.II.1. processus de modélisation des AIS [3]

Les trois exigences mentionnées ci-dessus sont impérieuses pour la conception d'un Framework pour développer un Système Immunitaire Artificiel.

II.4.1. L'affinité :

Afin de pouvoir être utilisés en informatique, les différents composants du système immunitaire biologique, plus particulièrement les cellules immunitaires et les antigènes, doivent être modélisés sous forme numérique, informatique.

L'affinité représente un degré de similarité entre deux objets de même type, dans les systèmes immunitaires artificiels une affinité est définie entre un antigène et un anticorps et la valeur retournée traduit le degré de ressemblance entre les deux.

La mesure de similarité entre un antigène Ag_i et un anticorps Ab_j , plus l'affinité est grande et plus Ab_j a de forte chance d'être la meilleure cellule pour reconnaître Ag_i [16]. Parmi les mesures de distances les plus utilisés sont :

- Distance Euclidienne[17] :

$$D = \sqrt{\sum_{i=1}^l (A_{bi} - A_{gi})^2}$$

➤ Distance de Hamming :

$$D = \sum_{i=1}^l |A_{bi} - A_{gi}|$$

➤ Distance de Manhattan :

$$D = \sum_{i=1}^l \delta_i \quad \text{tq} \quad \delta_i = \begin{cases} 1 & \text{si } A_{bi} \neq A_{gi} \\ 0 & \text{sinon} \end{cases}$$

II.4.2 Le clonage :

Le clonage est un opérateur important dans les algorithmes du système immunitaire artificiel, il permet de garder les meilleurs anticorps en vie en leur donnant plus de chance pour qu'ils apparaissent les nouvelles populations plusieurs fois et sur plusieurs formes[16].

Le nombre de clones **Nc** de l'anticorps **Ab** est calculé selon la formule suivante qui garde le contrôle sur le nombre total.

$$N_c = \frac{(\text{Affinité}_i)^2 \cdot T_{\text{clones}}}{\sum_{j=1}^n (\text{Affinité}_j)^2}$$

Où n est le nombre d'anticorps sélectionnés. T_{clones} est la taille désirée de la population clonée. Affinité_i est l'affinité de l'anticorps au cours de calcul de son nombre de clone, Affinité_j est l'affinité de chaque anticorps j appartenant à l'ensemble des anticorps de meilleures affinités.

II.4.3 La mutation :

La mutation est un opérateur qu'on peut l'observer dans différents types d'algorithmes immunitaire et génétique, cet opérateur permet d'élargir l'espace de

recherche. Le nombre des attributs mutés dans chaque vecteur de clone est proportionnellement inverse de son affinité :

$$Nm = \left[1 - \left(\frac{Affinité}{Affinité_{max}} \right) \right] * long$$

Où *Affinité* représente l'affinité de l'anticorps en cours de traitement, *long* est la longueur de l'anticorps.

II.5. Les algorithmes d'AIS :

Les algorithmes des AIS peuvent être divisés en trois grandes parties, chacune d'elles s'inspirant d'un comportement ou d'une théorie du système immunitaire biologique : la sélection négative, la sélection clonale et les réseaux immunitaires.

II.5.1. Sélection négative :

La sélection négative, permet d'assurer que tout lymphocyte T reconnaissant trop les cellules du soi comme antigène ne sorte pas du thymus afin d'éviter les maladies auto-immunes.

Forrest a proposé en 1994[18] un algorithme de détection du non-soi en s'inspirant de la sélection négative du thymus. L'algorithme peut se diviser en deux parties distinctes.

la première partie montrée dans la figure II.3 : la génération des détecteurs de non-soi, la deuxième partie apparaît dans la figure II.4 la surveillance qui teste les entrées avec les détecteurs générés précédemment.

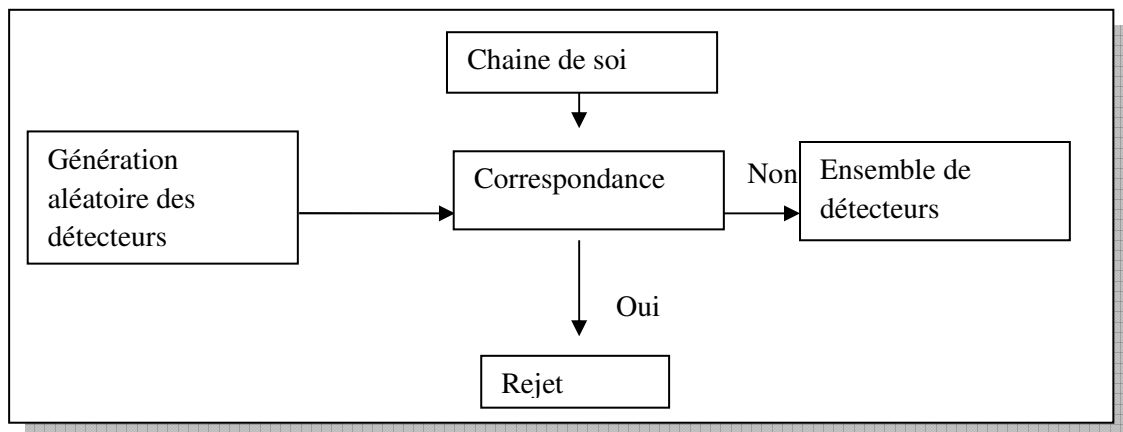


Fig.II.2. La première partie de la sélection négative [19]

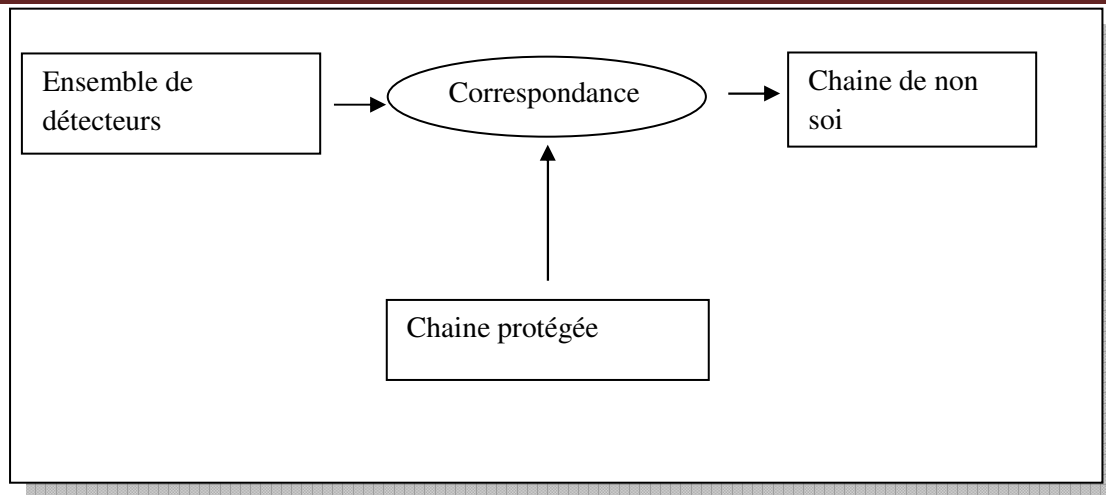


Fig.II.3. La deuxième partie de la sélection négative [19]

II.5.2. Sélection clonale :

La sélection clonale est la théorie expliquant comment le système immunitaire interagit avec les antigènes.

Les principales différences entre tous les algorithmes de sélection clonale sont les méthodes utilisées dans la génération aléatoire des détecteurs, la mutation et l'affinité entre les détecteurs et les antigènes.

Un algorithme général de sélection clonale artificielle est donné par les étapes suivantes[20] :

- **Initialisation :**

- Générer aléatoirement la population initiale d'anticorps Ab, un anticorps est une abstraction de la cellule B et des anticorps qu'elle produit (**figure II.6**) :

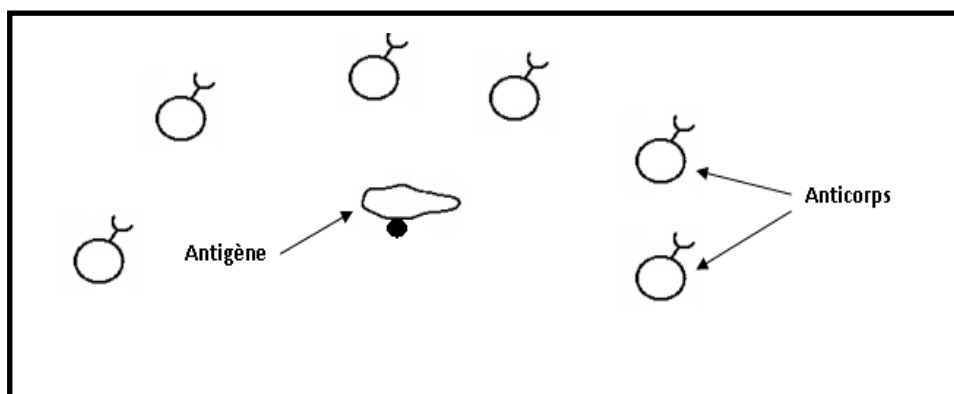


Figure II.4 Initialisation de la population d'anticorps (cellules B).

- Répéter tant qu'une condition prédéfinie n'est pas vérifiée.

- **Evaluation et sélection 1**

Sélectionner s_1 anticorps de Ab qui ont les plus grandes affinités. Utiliser une fonction f qui renvoie la valeur d'affinité de l'anticorps avec l'antigène en cours de traitement

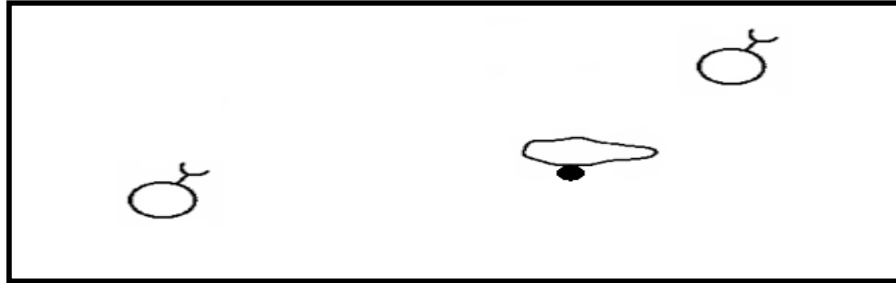


Figure II.5. Cellules B activées.

▪ Clonage

Cloner chaque anticorps sélectionné proportionnellement à son affinité, mettre les clones dans un ensemble C (**figure II.6**) :

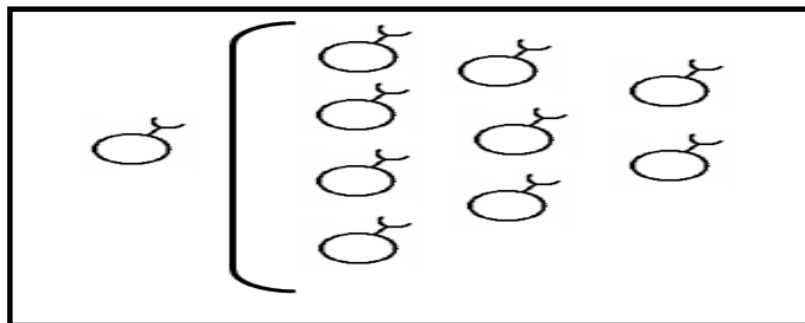


Figure II.6 Cellules B clonées

▪ Mutation

Chaque clone de C est muté avec un degré inversement proportionnel à son affinité, nous obtenons une population mature nommée C^* (**figure II.7**) :

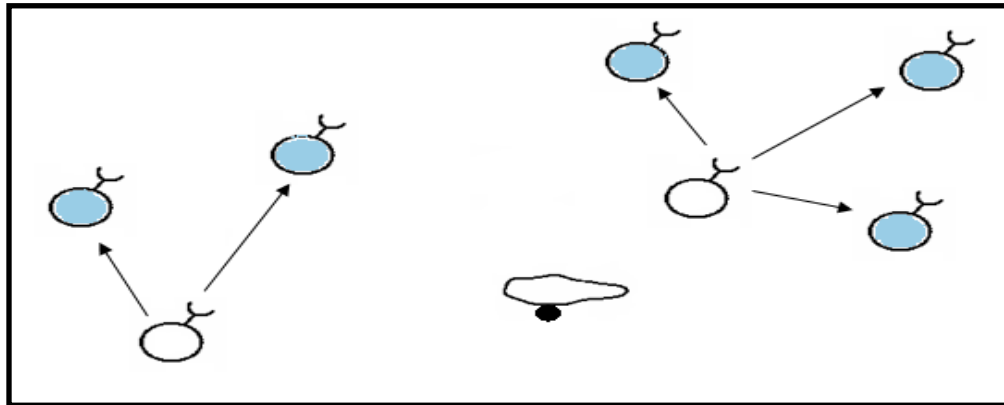


Figure II.7 Maturation des cellules B

Evaluation et sélection 2

Sélectionner s_2 anticorps de C^* qui ont les plus grandes affinités, nous obtenons Ab' (figure II.8) :

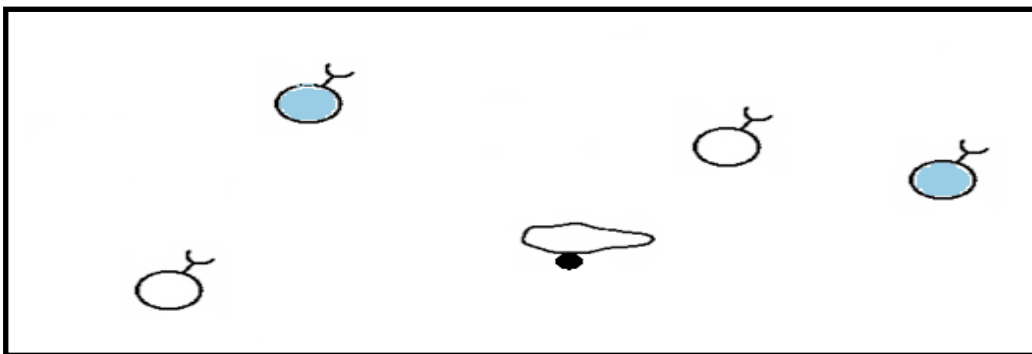


Figure II.8 Nouvelle population d'anticorps.

Diversité

Combiner Ab' avec s_3 anticorps générés aléatoirement, remplacer Ab par l'ensemble d'anticorps obtenus (figure II.9) :

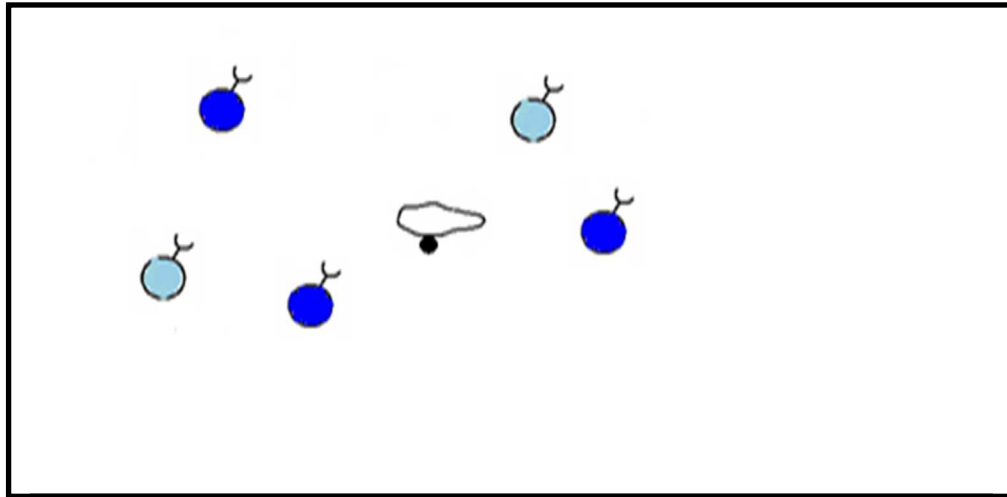


Figure II.9 Diversification de la population d'anticorps

- **Mort**

Les anticorps non retenus dans Ab sont éliminés.

Les algorithmes de sélection clonale sont utilisés couramment pour l'hypermutation des anticorps. Cela permet l'amélioration de la chaîne des attributs (comme une mesure de la fonction d'affinité) en utilisant seulement la mutation.

II.5.3. Les Réseaux immunitaires :

Le réseau immunitaire décrit la manière dont les cellules répondent entre elles dans le système immunitaire. Alors est un système immunitaire autorégulé de molécules et de cellules qui se reconnaissent entre elles, même en l'absence d'antigène. Parmi les algorithmes de ce modèle L'algorithme AiNet qui utilise la notion d'image interne pour représenter les regroupements de données dans un réseau[21].

Comme un exemple pour l'ensemble de données de la figure II.10, une architecture hypothétique générée par AiNet est donnée à la figure II.11. Les nœuds représentent les anticorps, les lignes pleines sont des connections entre les anticorps, et les lignes en pointillé sont des connections qui seront éliminées pour révéler les regroupements. Comme le nombre de nœuds du réseau est plus petit que le nombre initial de données.

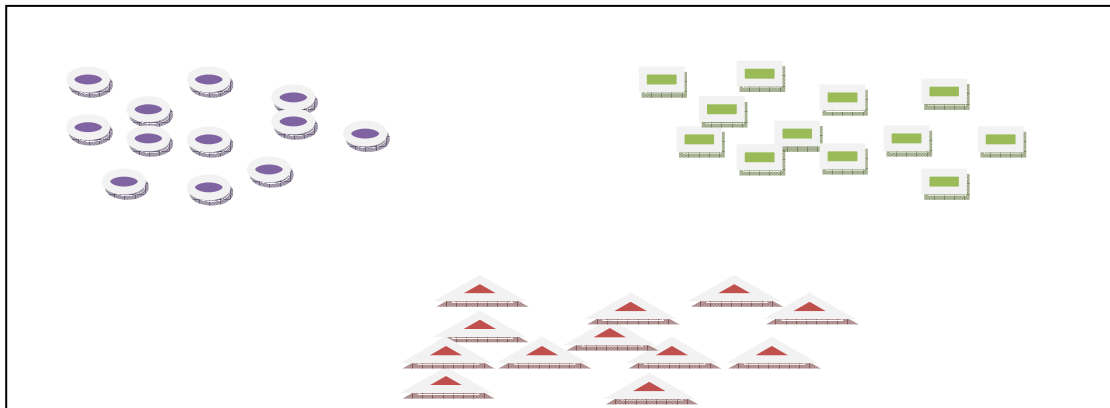


Fig. II.10. Exemple de regroupement des données

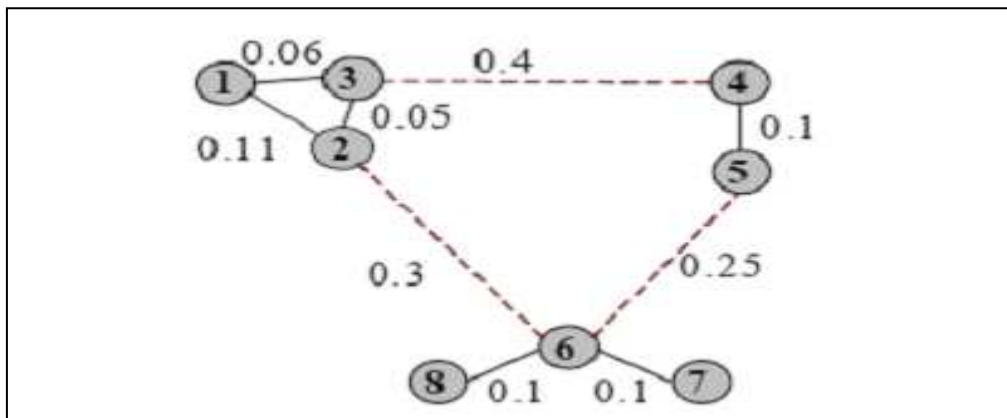


Fig. II.11. Réseau immunitaire généré par AiNet

II.5.3.1 Algorithme des réseaux immunitaires [22]

L'algorithme de AiNet est donné comme suit :

➤ **Initialisation**

- La population d'anticorps est générée aléatoirement.
- La population de cellules mémoire est initialement vide.
- La population d'antigènes contient les données d'apprentissage.

➤ **Pour chaque antigène, faire :**

Répéter pour un certain nombre d'itérations :

- **Evaluation et sélection 1**

- Evaluer l'affinité de tous les anticorps pour l'antigène courant.
- Sélectionner n anticorps qui ont les plus grandes affinités.

- **Clonage**

Cloner les anticorps proportionnellement à leurs affinités.

- **Mutation**

Muter les anticorps clonés avec un taux inversement proportionnel à leur affinité pour obtenir une population mature.

- **Evaluation et sélection 2**

- Evaluer l'affinité des anticorps matures pour l'antigène courant ;
- Sélectionner ' % ' anticorps qui ont les meilleures affinités pour obtenir les cellules mémoire.

- **Suppression clonale 1**

Éliminer les cellules mémoire qui sont très similaires les unes aux autres.

- **Mémorisation**

Ajouter les cellules mémoire qui ont une affinité qui dépasse un certain seuil à la population de cellules mémoire.

- **Mort**

Les anticorps et cellules mémoires non mémorisés sont éliminés.

- **Suppression clonale 2**

Éliminer les cellules mémoire (de la population de cellules mémoire) très similaires les unes aux autres.

La sélection clonale est un cas particulier de AiNet, le point qui fait la différence est que la AiNet a la particularité d'utiliser le principe de suppression clonale qui exprime des interactions explicites entre les cellules mémoires dans le réseau par contre dans la sélection clonale aucune interaction explicite ne se fait entre les anticorps.

II.6. L'algorithme CLONCLASS :

II.6.1 Définition[22] :

CLONALG(CLONal selection ALGORITHM) est un algorithme populaire quia été parmi les premiers à utiliser la sélection clonale pour la reconnaissance de formes. Il a été proposé par De Castro et VonZuben et utilisé pour le recalage d'images.

CLONCLAS (CLONal CLASsification) est une amélioration de CLONALG pour la reconnaissance de chiffres manuscrits proposé par White et Garrett.

CLONCLAS est basé sur la théorie de la sélection clonale et est profité de deux caractéristiques importantes du système immunitaire naturel : lorsqu'un antigène est rencontré pour la première fois, le système apprend à reconnaître l'antigène (Apprentissage) et lorsqu'il est rencontré une seconde fois le système est capable de le reconnaître (Mémoire).

II.6.2. Algorithme d'Apprentissage :

Lors de la phase d'apprentissage, la cellule mémoire correspondant à chaque antigène est trouvée. La cellule obtenue est le modèle de la classe. Pour cette algorithme le terme anticorps fait référence à la fois à l'anticorps et à la cellule B qu'il 'a produite. La figure suivante présente cet algorithme.

Cet algorithme se déroule comme suit [22]:

- (1) Générer aléatoirement une population initiale d'anticorps Ab. Elle est composée de deux sous-ensembles Abm (population mémoire) et Abr (population réservoir).
- (2) Construire un ensemble d'antigènes Ag à partir des exemples d'entraînements.
- (3) Sélectionner un antigène Agi de la population Ag.
- (4) Pour G générations :
 - (a) Pour chaque élément de Ab calculer son affinité avec l'antigène Agi e utilisant une certaine fonction d'affinité.
 - (b) Sélectionner les n anticorps avec les meilleures affinités et générer pour chaque anticorps sélectionné un nombre de clones proportionnel à son affinité, placer les clones dans une nouvelle population Ci.
 - (c) Muter les éléments de la population de clones Ci avec un degré inversement proportionnel à leurs affinités pour produire une population mature Ci*.
 - (d) Ré appliquer la fonction d'affinité aux membres de la population mature Ci* et sélectionner le meilleur individu comme cellule candidate. Si son affinité est meilleure que celle de la cellule mémoire courante Abmi, alors la cellule candidate remplace l'ancienne cellule mémoire.
 - (e) Remplacer les anticorps de Abr par les meilleurs anticorps de Ci*.

- (f) Eliminer les anticorps de faible affinité de Abr et les remplacer par de nouveaux anticorps générés aléatoirement.
- (5) Retourner à l'étape 3 jusqu'à ce que tous les antigènes soient présentés au système.

Voici l'organigramme de l'algorithme de CLONCLASS :

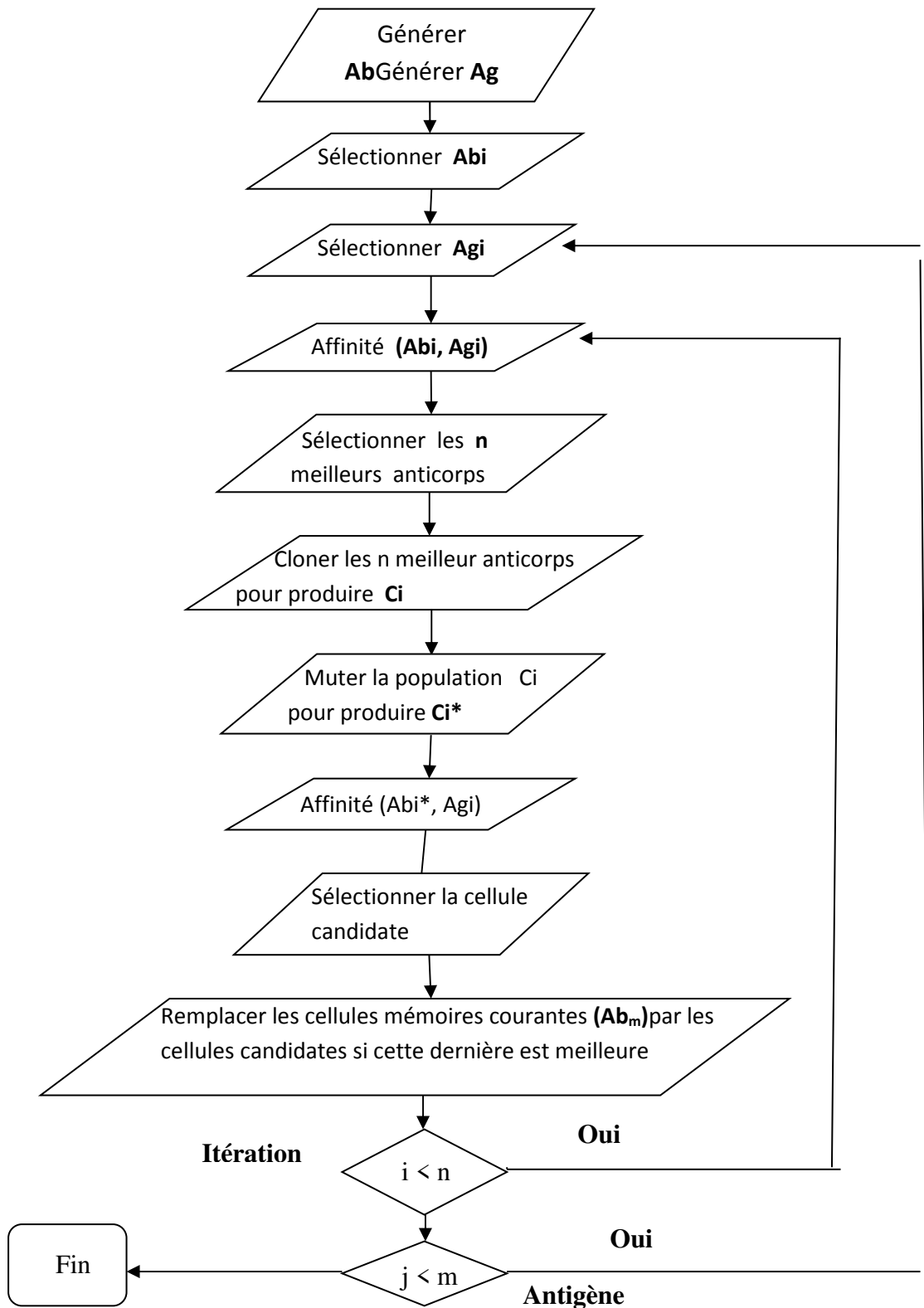


Figure III.12. Organigramme de l'apprentissage CLONCLAS.[22]

II.6.3. Algorithme de classification :

Pour chaque forme inconnue, le système essaye de trouver sa classe la plus probable, en utilisant les modèles trouvés lors de l'apprentissage. Tel que chaque forme inconnue qui représente l'antigène est comparé avec les cellules mémoire trouvées dans la phase précédente – phase d'apprentissage- (une cellule mémoire présente une classe) puis la forme est affectée à la classe de la cellule mémoire qui a la plus grande affinité avec elle.

Le déroulement de l'algorithme montré dans la figure ci-dessus de la classification est déroulé comme suit [22] :

- (1) Sélectionner un antigène de la population d'antigènes à classer
- (2) Comparer l'antigène avec chaque cellule mémoire.
- (3) Calculer le pourcentage de précision $(\text{affinité}/\text{max}) \times 100$ pour chaque cellule mémoire.
- (4) Si le pourcentage le plus élevé est supérieur à un certain seuil, l'antigène reçoit la classe de la cellule mémoire.
- (5) Ajouter le résultat à l'ensemble de classification.
- (6) Boucler l'opération jusqu'à ce que tous les antigènes soient classés

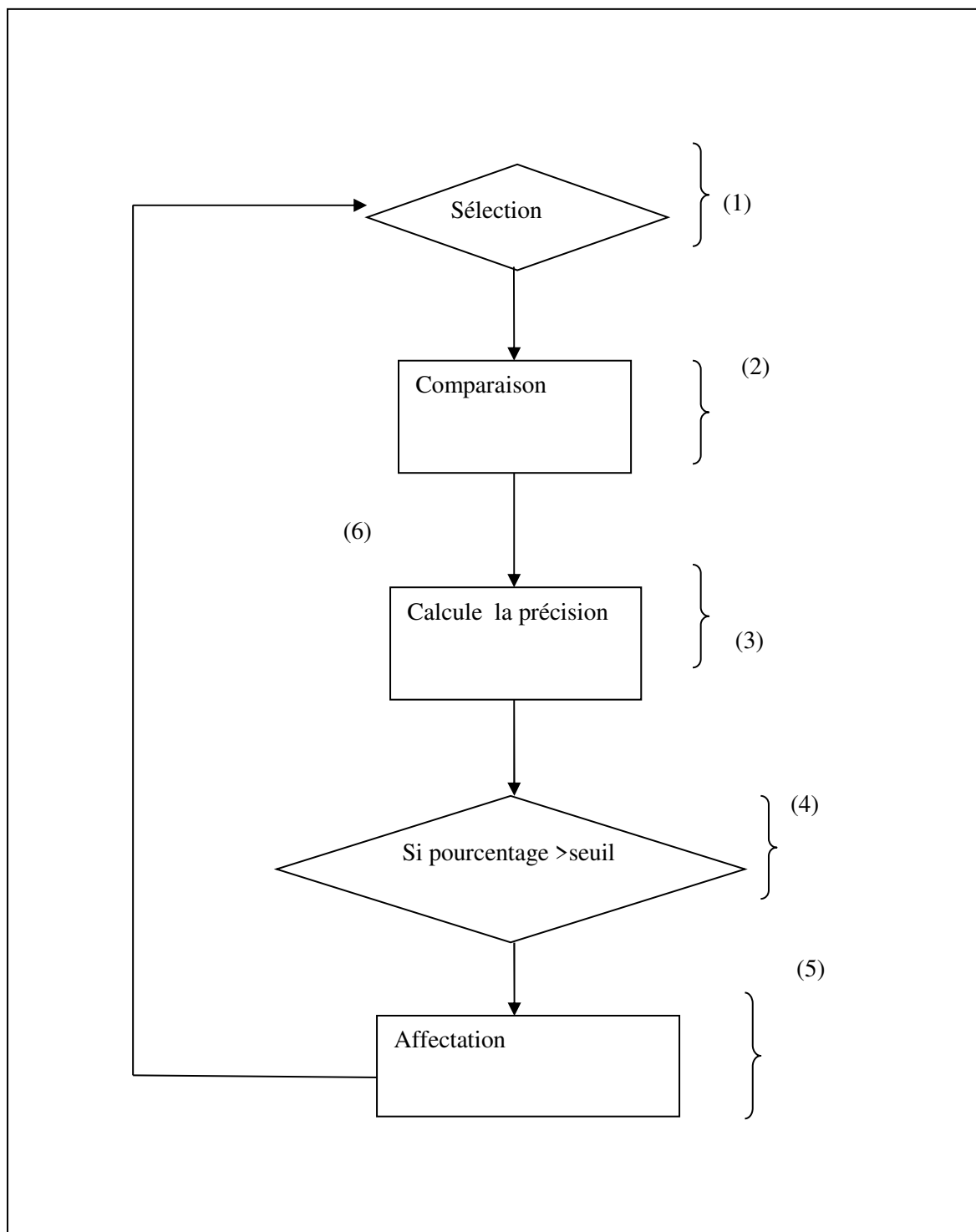


Figure III.13. Organigramme de la classification CLONCLAS

II.7. Domaine d'application :

- La sélection clonale a été appliquée pour solutionner des problèmes d'optimisation, d'apprentissage et à la résolution de problèmes multi objectifs.
- la sélection négative a été appliquée aux bases de données -négatives – qui permettent de les stocker dans une forme –négative de façon à ce que la récupération des données sous leur forme d'origine est un problème.
- L'approche réseau immunitaire est particulièrement intéressante pour le développement d'outils de calcul parce qu'elle tient compte, potentiellement, de propriétés émergentes telles que l'apprentissage et la mémorisation, la tolérance au soi, la gestion de la taille de la population de cellules ainsi que de la diversité.

Et parmi les exemples d'applications d'AIS :

- Système informatique hybrides d'analyse de données bios informatique [23]
- Algorithme de génération d'emploi de temps [24]

II.8. Conclusion :

Le domaine des Systèmes Immunitaire Artificiel est un vaste sujet de recherche. Dans ce chapitre nous avons présenté les différents principes inspirés du système immunitaire naturel tel que la sélection négative, la sélection clonale, les réseaux immunitaires artificiels et la description détaillé de l'algorithme Clonclas qui va être appliqué prochainement dans notre application pour le diagnostic du cancer.

III.1. Introduction :

Les réseaux de neurones, fabriquées de structures cellulaires artificielles, constituent une approche permettant d'aborder sous des angles nouveaux les problèmes de perception, de mémoire, d'apprentissage et de raisonnement au même titre que les algorithmes génétiques. Ils s'avèrent aussi des alternatives très prometteuses pour contourner certaines des limitations des méthodes numériques classiques.

Tout long de ce chapitre nous allons parler sur les réseaux de neurones naturels, artificiels, ainsi que ses différents algorithmes.

III.2. Neurone biologique :

Un neurone biologique est un organe élémentaire de base qui forme le système nerveux des êtres vivant, il servi à la mise au point des premiers neurones formels. Cette partie permet de présenter rapidement les éléments de base du cerveau que sont les neurones et d'avoir un bref aperçu sur leur fonctionnement. Le neurone biologique est composé des éléments suivants : le corps cellulaire, l'axone, les dendrites et les synapses [25]

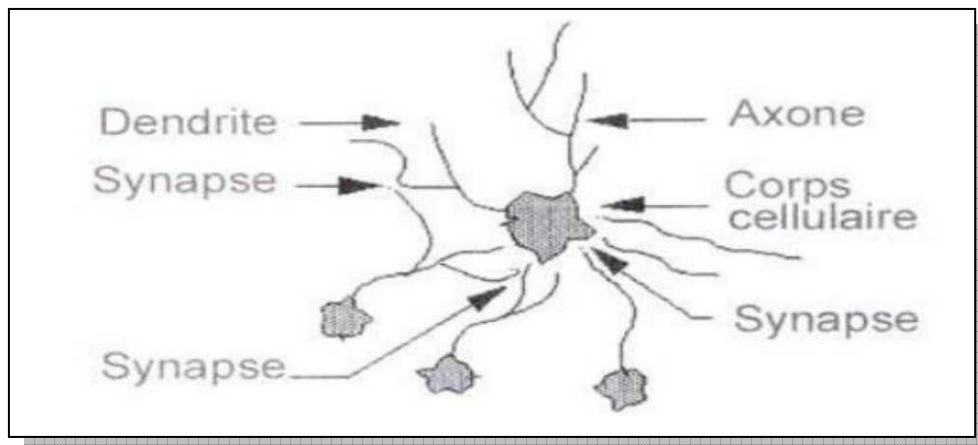


Figure. III.1. Réseau de neurones biologique [25]

III.3. Simulation du neurone biologique :

Les réseaux de neurones biologiques qui constituent le cerveau humain réalisent simplement de nombreuses applications telles que la reconnaissance de formes, le traitement du signal, la mémorisation, la généralisation, l'apprentissage par l'exemple, etc. Or ces applications sont actuellement à la limite de leurs possibilités actuelles, même en tenant compte de tous les efforts déployés en algorithmique ou en intelligence artificielle. C'est à partir de l'hypothèse que le comportement intelligent humain est le résultat de la structure et des éléments de bases du système nerveux central (que sont les neurones), que l'on a développé les réseaux de neurones artificiels. Cette inspiration à partir du modèle biologique

provient du fait que le cerveau humain est un système apprenant basé sur une structure contenant environ 100 milliards de neurones reliés entre eux par 10000 contacts synaptiques ce qui représente un million de milliards de synapses [2].

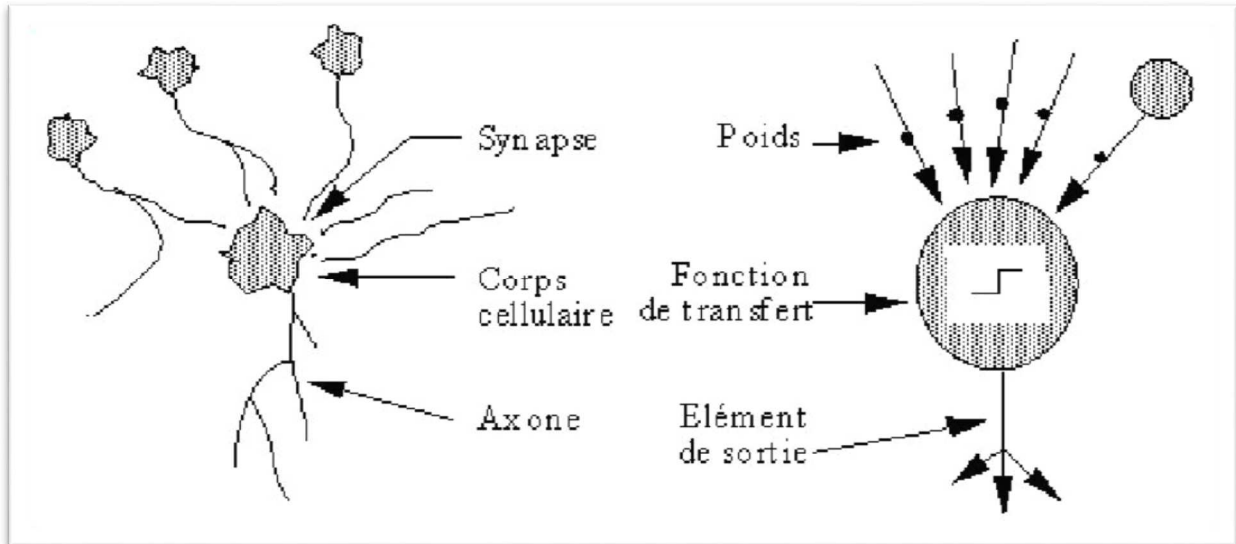


Figure III.2. Un neurone biologique et un neurone formel [25]

III.4. Réseau de Neurones formel :

Un neurone formel est en général une fonction algébrique non linéaire et bornée, dont la valeur dépend de paramètres appelés coefficients ou poids. Les variables de cette fonction sont habituellement appelées « entrées » du neurone, et la valeur de la fonction est appelée sa « sortie ».

La figure suivante montre ce modèle tel qu'on a les signaux d'entrées e_1, \dots, e_n les coefficients : w_1, \dots, w_n , la fonction d'activation et le signal de sortie : A .

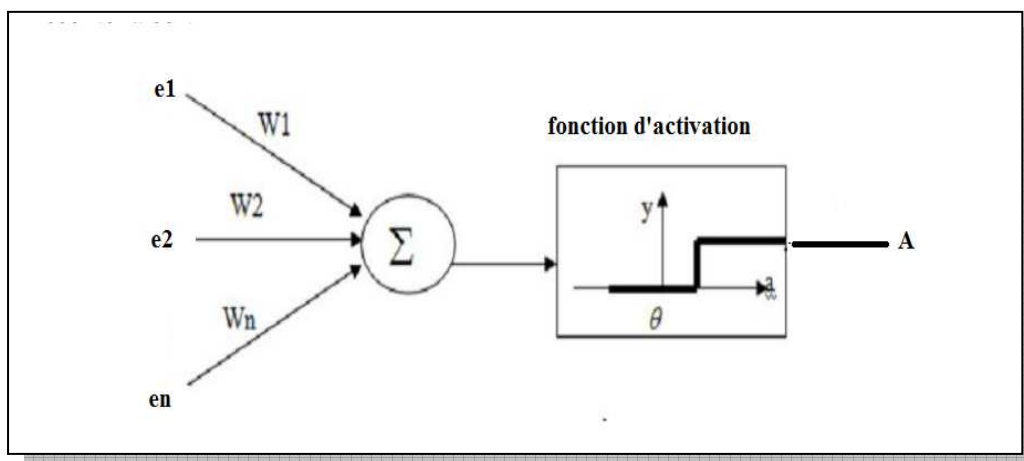


Figure. III.3. Réseau de neurones formels [26]

III.4.1. Fonction d'activation :

La fonction d'activation f , détermine l'état interne du neurone en fonction de son entrée totale. Plusieurs modèles de cette fonction existent dans la littérature.

On les décrit par[27] :

$$\text{Fonction Heaviside } H(x) = \begin{cases} 1, & a \geq 0 \\ 0, & a < 0 \end{cases} \quad \text{Fonction Signe } S(x) = \begin{cases} +1, & x > 0 \\ -1, & x < 0 \end{cases}$$

Fonction linéaire $F(x)=x$

La fonction sigmoïde $F(x)= 1/(1+e^{-x})$

III.5. Histoire:

Les réseaux de neurones ont donc une histoire relativement jeune (60 ans) mais les applications intéressantes des réseaux de neurones n'ont vu le jour qu'il y a une trentaine d'années avec le développement de l'informatique.

Le tableau suivant récapitule les différents modèles des réseaux de neurones selon leur apparition :

Année	Auteur	Apport	Référence
1890	W.James	Concept de mémoire associative (loi de fonctionnement pour l'apprentissage)	[25]
1943	W.McCulloch	Modélisation du neurone biologique en neurone formel	
1949	D.Hebb	Règle de Hebb ou bien loi de Hebb	[25]
1957	F. Rosenblatt	Modèle perceptron - premier neurone ordinateur	[28]
1960	B.Widrow	Modèle ADALINE inspiré du perceptron	[29]
1969	M.Minsky et S.Papert	Mise en avant des limites du Perceptron Abandon des recherches	[29]
1967-1982	S. Grossberg, T. Kohonen, ..	Poursuite déguisée des recherches	[30]
1982	J.J.Hopfield	Modèle de Hopfield Théorie du fonctionnement et des possibilités des réseaux de neurones	[30]
1985	Rumelhart et Y. LeCun	Réseaux de neurones multicouches Rétropropagation du gradient	[30]

Tab.III.1 Les stations importantes du Réseaux de Neurones

III.6. Architecture des Réseaux de Neurones :

On distingue deux grandes familles des réseaux de neurones :

III.6. 1. Réseaux de neurones non bouclés :

Un réseau de neurones non bouclé est représenté graphiquement par un ensemble de neurones "connectés" entre eux, l'information circulant des entrées vers les sorties sans "retour en arrière" ; si l'on représente le réseau comme un graphe dont les nœuds sont les neurones et les arêtes les "connexions" entre ceux-ci, le graphe d'un réseau non bouclé est acyclique montré dans la figure ci-dessus. Le terme de "connexions" est une métaphore : dans la très grande majorité des applications, les réseaux de neurones sont des formules [31].

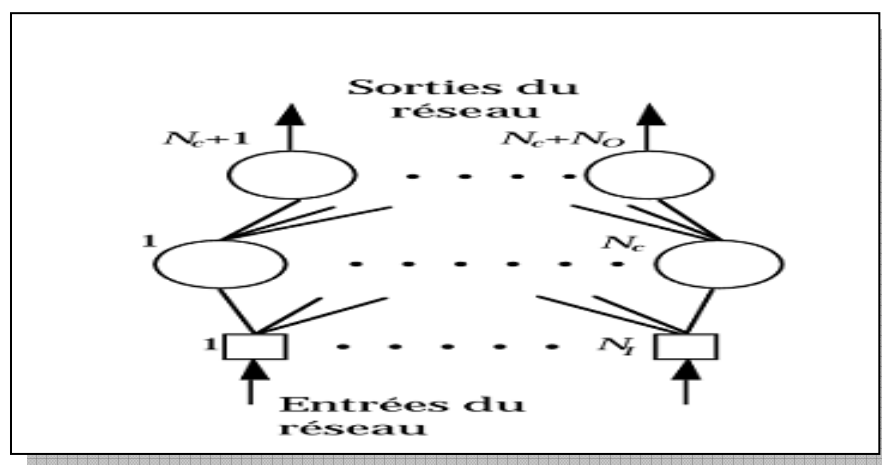


Figure . III.4. Réseau de neurones non bouclés [31]

III.6.2. Réseaux de neurones bouclés :

Un réseau est bouclé, ou dynamique, si son graphe possède au moins un cycle comme la figure III.3 ., lorsqu'on se déplace dans le réseau en suivant le sens des connexions, il est possible de trouver au moins un chemin qui revient à son point de départ [32].

En pratique, les réseaux de neurones bouclés sont utilisés pour effectuer des tâches de modélisation de systèmes dynamiques.

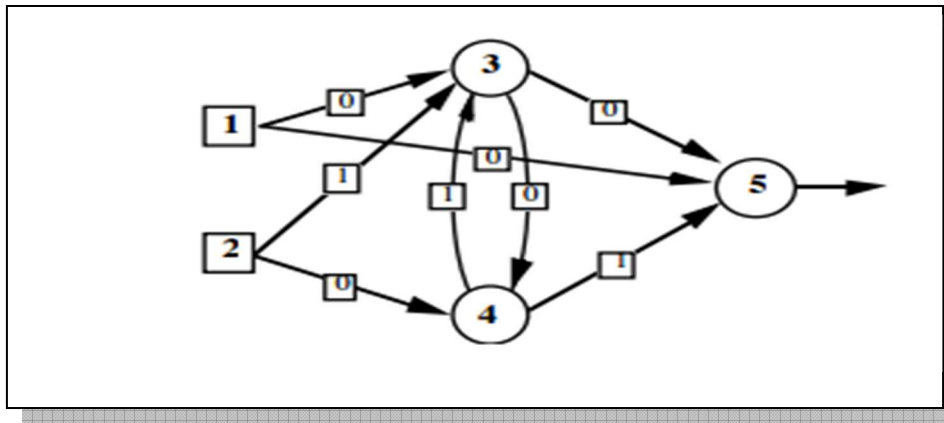


Figure. III.5. Réseau de neurones bouclés [31]

III.7. Propriétés des Réseaux de Neurones :

Les réseaux de neurones sont pourvus trois grandes propriétés [33] :

- **Approximation de fonction :** le réseau de neurones est une méthode qui présente les qualités d'approximation universelle comme les méthodes de polynômes, de séries de Fourier. Ces méthodes permettent par régression d'approcher une fonction à un degré de précision fixé.
- **Classification :** Les réseaux de neurones sont capables de classifier. En fait, cette propriété découle de la capacité d'approximation. Si on possède un approximateur pour deux fonctions (f et g) qui est basé sur une identification du couple entrée-sortie, alors le degré d'appartenance d'un nouveau couple entrée-sortie est directement lié à l'erreur faite par l'approximateur : plus cette erreur est grande moins cet approximateur est adapté et donc moins ce couple entrée-sortie appartient à la fonction.
- **Apprentissage :** apporte des propriétés d'adaptabilité des réseaux de neurones. Ainsi une même structure peut approcher une multitude de fonctions grâce à l'apprentissage.

III.8. Modèles des réseaux de neurones :

III.8.1. Modèle de Hopfield :

Le modèle de Hopfield fut présenté en 1982. Ce modèle très simple est basé sur le principe des mémoires associatives. C'est d'ailleurs la raison pour laquelle ce type de réseau est dit associatif (par analogie avec le pointeur qui permet de récupérer le contenu d'une case mémoire) [34].

Le modèle de Hopfield utilise l'architecture des réseaux entièrement connectés et récurrents (dont les connexions sont non orientées et où chaque neurone n'agit pas sur lui-même). Les sorties sont en fonction des entrées et du dernier état pris par le réseau.

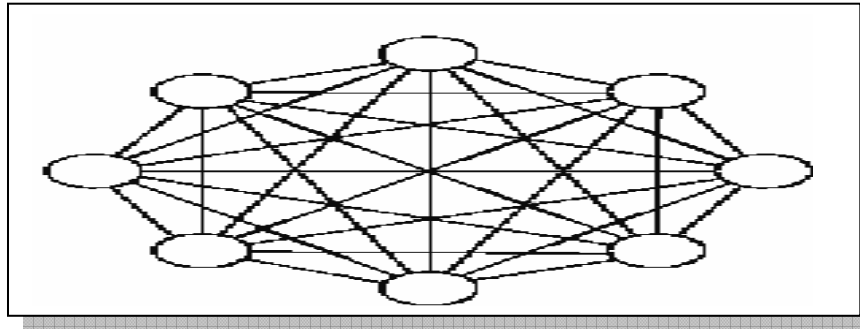


Figure. III.6. Modèle de Hopfield

III.8.2. Modèle Kohonen :

Ce modèle a été présenté par Kohonen en 1982 en se basant sur des constatations biologiques. Il a pour objectif de présenter des données complexes et appartenant généralement à un espace discret de grandes dimensions dont la topologie est limitée à une ou deux dimensions [34].

Les cartes de Kohonen sont réalisées à partir d'un réseau à deux couches, une en entrée et une en sortie. Notons que les neurones de la couche d'entrée sont entièrement connectés à la couche de sortie. (voir figure 7.)

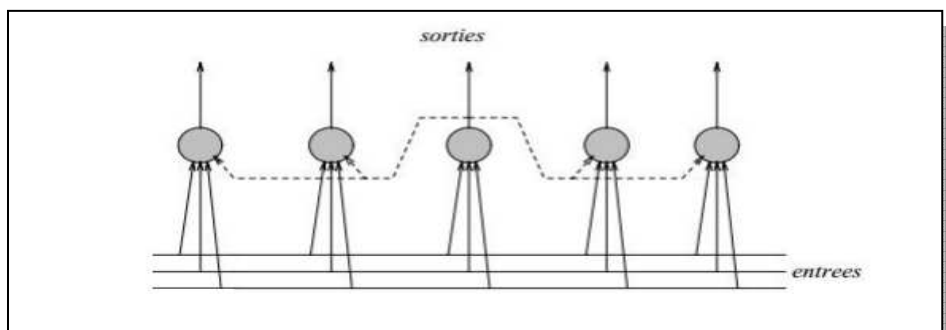


Figure. III.7. Modèle de Kohonen

III.8.3. Le Modèle Adaline :

L'adaline (Adaptatif Linear Neurone) de Widrow et Hoff est un réseau à trois couches : une d'entrée, une couche cachée et une couche de sortie. Ce modèle est similaire au modèle de perceptron, seule la fonction de transfert change, mais reste toujours linéaire : $F(x) = x$.

Les modèles des neurones utilisés dans le perceptron et l'adaline sont des modèles linéaires pour la séparation linéaire : on dit que deux classes A et B (fig8.), sont linéairement séparables si on arrive à les séparer par une droite coupant le plan en deux classes.

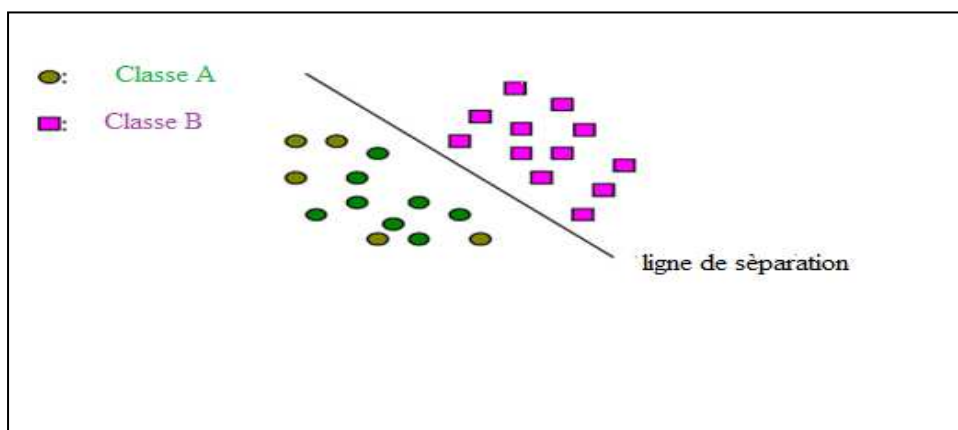


Figure. III.8. Séparation linéaire par Réseau Adaline

III.8.4. Les Perceptrons Multicouches (PMC) :

Un réseau de neurones PMC est un ensemble de processeurs élémentaires, les neurones qui sont largement connectés les uns aux autres et qui sont capables d'échanger des informations au moyen des connexions qui les relient en formant des couches, couche d'entrée couches cachées couche de sortie la figure suivante présente cette structure. Les connexions sont directionnelles et à chacune d'elle est associé un réel appelé poids de la connexion. L'information est ainsi transmise de manière unidirectionnelle du neurone j vers le neurone i , affectée du coefficient pondérateur W_{ij} . Un neurone calcule son état à partir d'informations venues de l'extérieur, ou bien il détermine son entrée à partir des neurones auxquels il est connecté et calcule son état comme une transformation souvent non linéaire de son entrée. Il transmet à son tour son état vers d'autres neurones ou vers l'environnement extérieur [35].

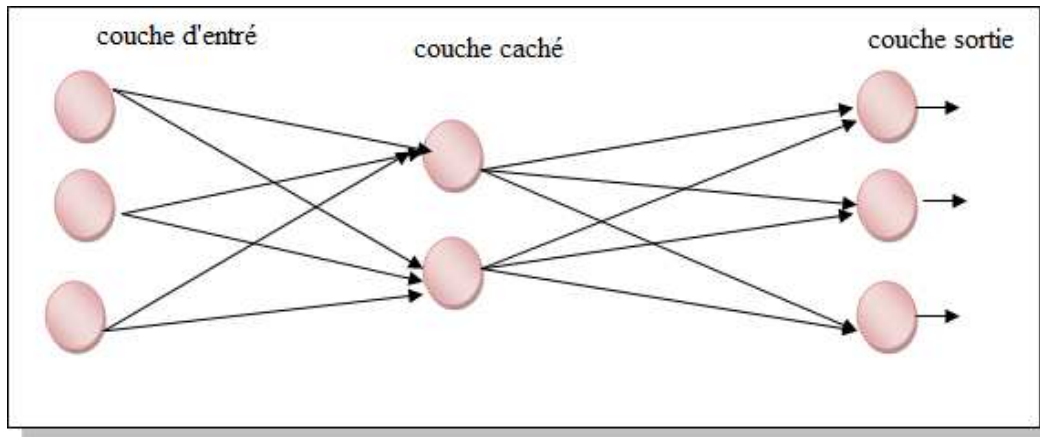


Figure. III.9. Réseau de Neurones PMC

III.8.4.1. Algorithme Apprentissage du PMC :

Algorithme d'apprentissage du Perceptron est semblable à celui utilisé pour la loi de Hebb. Les différences se situent au niveau de la modification des poids.

- 1) Initialisation des poids et du seuil S à des valeurs (petites) choisies au hasard.
- 2) Présentation d'une entrée $E_l = (e_1, \dots, e_n)$ de la base d'apprentissage.
- 3) Calcul de la sortie obtenue x pour cette entrée :

$$a = \sum (W_i \cdot e_i) - S \quad \dots\dots\dots (1)$$

$x = \text{signe}(a)$ (si $a > 0$ alors $x = +1$ sinon $a \leq 0$ alors $x = -1$)

- 4) Si la sortie x du Perceptron est différente de la sortie désirée dl pour cet exemple d'entrée Alors modification des poids (μ le pas de modification) :

$$W_i(t+1) = W_i(t) + \mu \cdot ((dl - x) \cdot e_i) \quad \dots\dots\dots (2)$$

Rappel : $dl = +1$ si E est de la classe 1, $dl = -1$ si E est de la classe 2 et $(dl - x)$ est une estimation de l'erreur.

- 5) Tant que tous les exemples de la base d'apprentissage ne sont pas traités correctement (Modification des poids), retour à l'étape 2 [36].

L'organigramme de cette phase est montré dans la figure suivante :

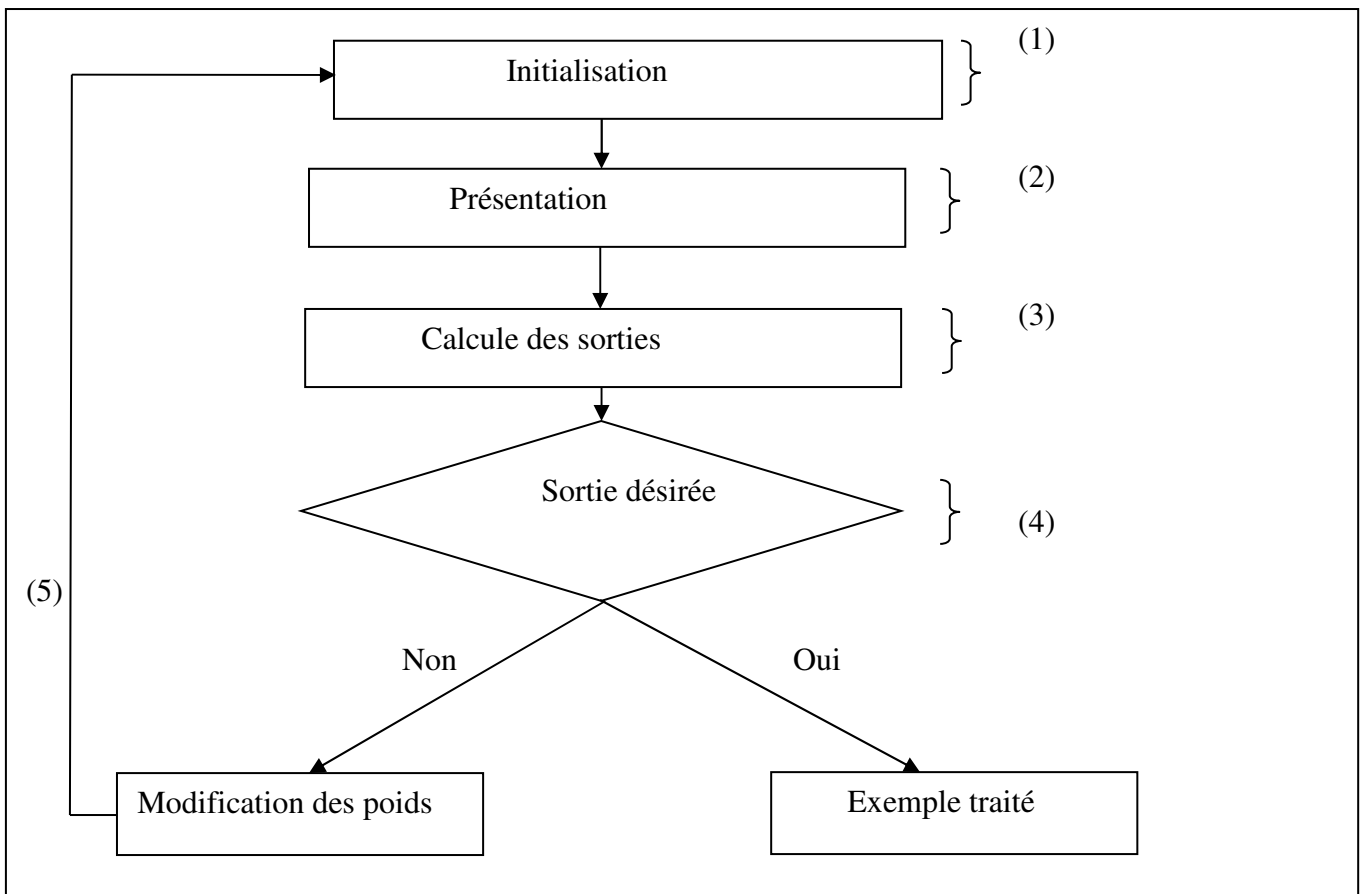


Figure. III.10. Organigramme d'algorithme d'apprentissage de PMC

III.8.4.2 Algorithme de classification de PMC :

La phase de classification de PMC est définie comme suit[37] :

1. Sélectionner un exemple de la phase de test.
2. Faire propagation et puis calculer la sortie de chaque classe.
3. Si la sortie obtenue est plus proche que la sortie désirée alors l'exemple est bien classé.
4. Boucler jusqu'à ce que tous les exemples soient présentés.

L'organigramme de cette phase est comme suit : (Voir figure III.10)

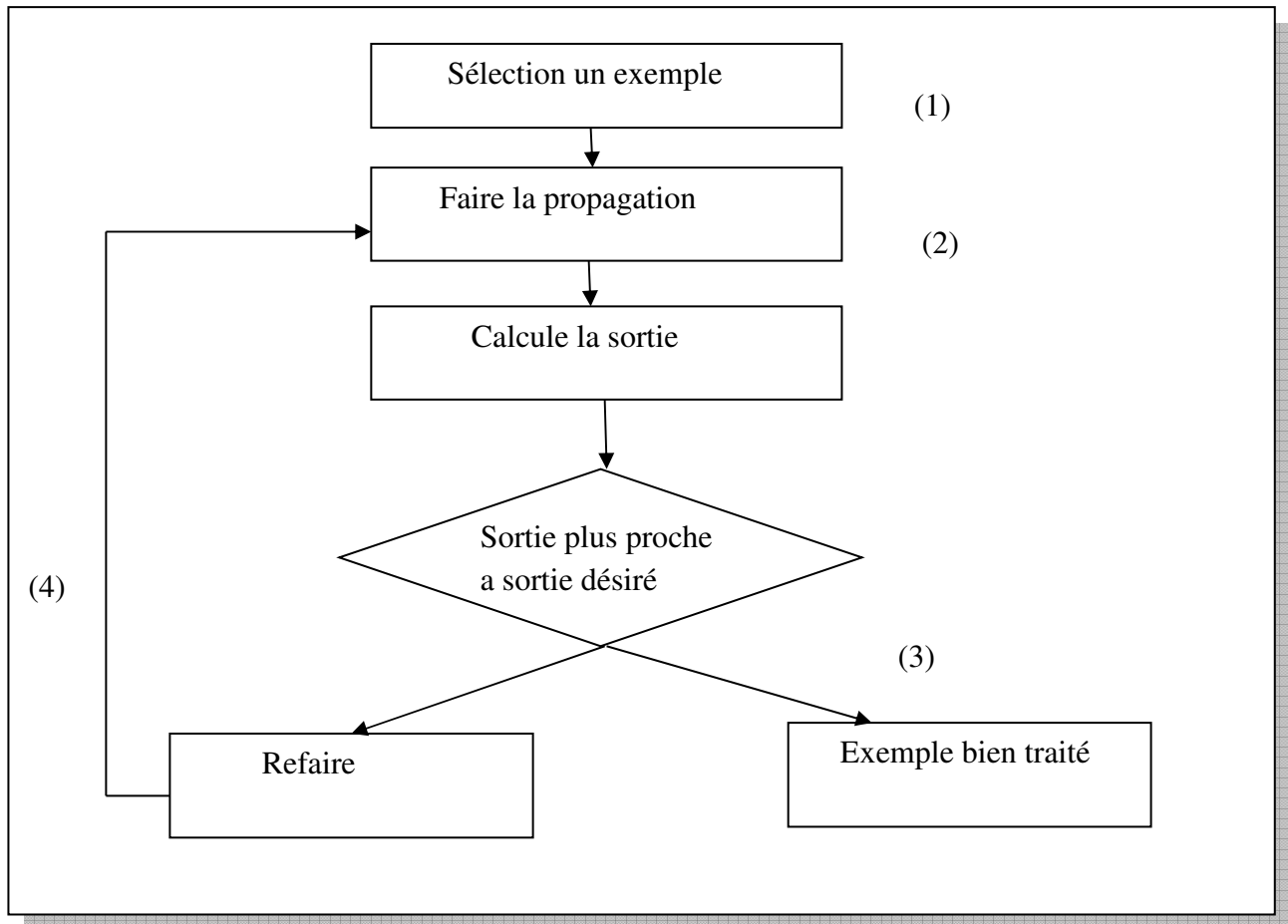


Figure.III.11.organigramme d'algorithme de classification de PMC

III.8.4.2. Algorithme de la Rétropropagation des erreurs :

On a vu que les poids de la structure PMC ont fait l'objet d'une optimisation par l'algorithme de la Rétropropagation des erreurs [37] :

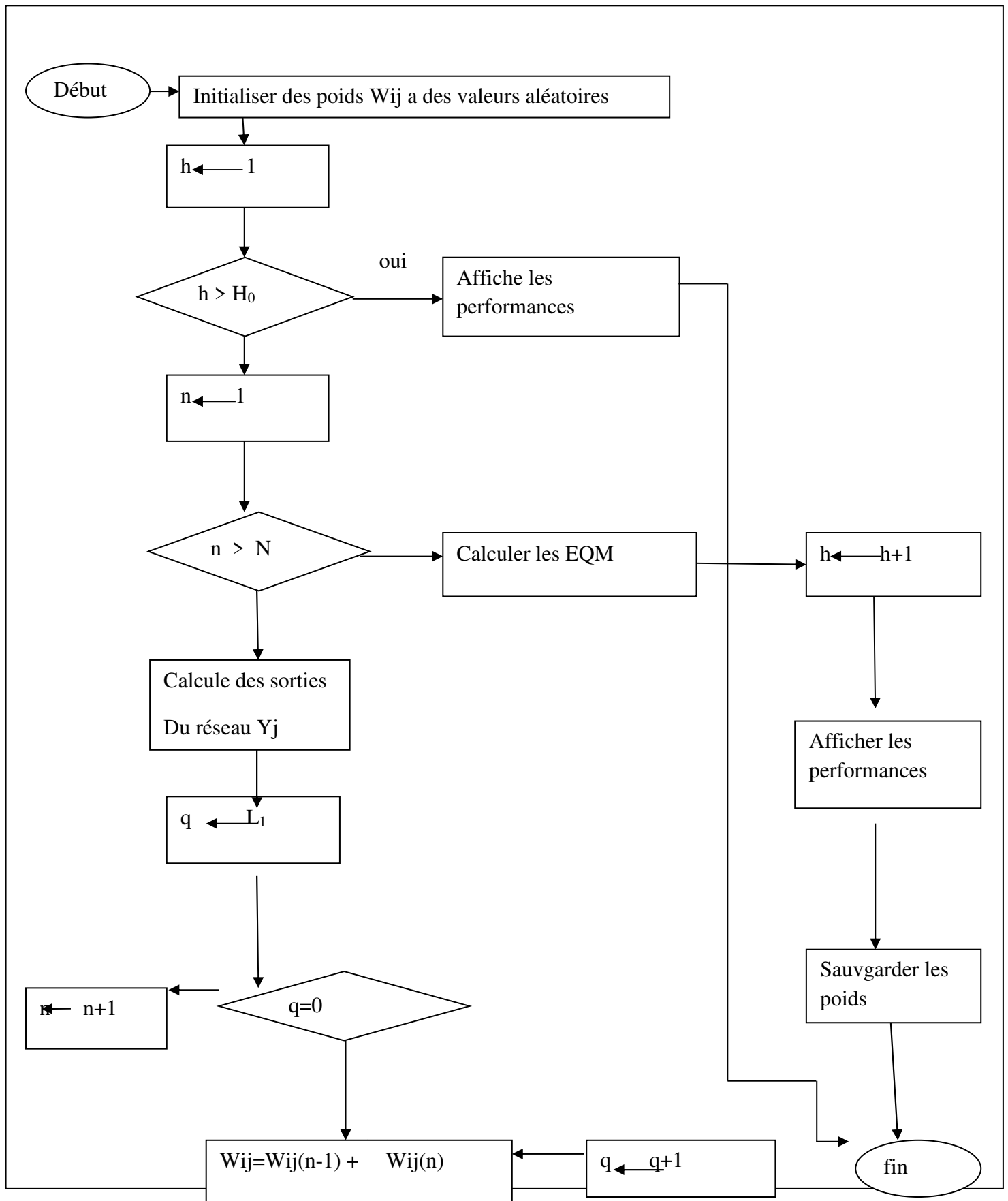


Figure.III.12.organigramme de l'algorithme de Rétropropagation des erreurs

La figure au dessus représente l'organigramme de l'algorithme de la rétropropagation des erreurs, qui est composé essentiellement de trois boucles imbriquées l'une dans l'autre.

Le premier sert au contrôle du nombre d'itération 'h', le deuxième contrôle le nombre d'exemples d'apprentissage, quand à le dernier contrôle la propagation de l'erreur sur les différents couches du réseau. On remarque que la fin de l'algorithme peut être causée par la condition : EQM est inférieure au seuil S ou bien on attend le nombre maximum d'itérations.

III.8.4.3. Caractéristique du PMC :

Un perceptron multicouche est capable d'approximer des fonctions de forme très différente et l'approximation faite n'est pas global mais local, Le choix du nombre de couches et du nombre de neurones est primordial dans un perceptron. En ajoutant des neurones ou des couches on améliore les capacités du réseau et donc la finesse de l'approximation, mais l'apprentissage devient plus long (particulièrement en augmentant le nombre de couches) et le risque de sur-apprentissage augmente.

Généralement PMC est caractérisé par :

- Une seule couche d'entrée.
- Une seule couche de sortie.
- Une à plusieurs couches cachées.
- Chaque neurone est uniquement relié à tous les neurones de la couche suivante.
- Pas de communication entre des neurones d'une même couche.

III.9. Domaine d'application des Réseaux de neurones :

Les réseaux de neurones ont une remarquable faculté à donner des sens, extraire des règles et des tendances à partir de données compliquées dans différents domaines.

Parmi ces domaines dans lesquels les réseaux de neurones ont été appliqués :

- Traitement du signal
- Maîtrise de processus
- Robotique
- Classification
- Prétraitement des données
- Reconnaissance des formes
- Analyse des images et synthèse vocale

III.9. Les avantages et les inconvénients des Réseaux de neurones :

Comme chaque méthode le réseau de neurones a des points forts et des points faibles [38] :

III.9.1. Les avantages :

- Capacité de représenter n'importe quelle fonction, linéaire ou pas, simple ou complexe.
- Faculté d'apprentissage à partir d'exemples représentatifs, par " rétro propagation des Erreurs ". L'apprentissage (ou construction du modèle) est automatique.
- Résistance au bruit ou au manque de fiabilité des données.
- Simple à manier, beaucoup moins de travail personnel à fournir que dans l'analyse statistique classique.
- Comportement moins mauvais en cas de faible quantité de données.

III.9.2. Les inconvénients :

- L'absence de méthode systématique permettant de définir la meilleure topologie du réseau et le nombre de neurones à placer dans la (ou les) couche(s) cachée(s).
- La connaissance acquise par un réseau de neurone est codée par les valeurs des poids sont inintelligibles pour l'utilisateur

III.10. Conclusion :

A travers ce chapitre nous avons exploré la capacité des réseaux de neurones artificiels dans le domaine de la reconnaissance des formes. Ainsi ses différents modèles et son algorithme d' apprentissage. Le prochain chapitre sera la mise en œuvre des algorithmes détaillés ainsi que les résultats d' application.

IV.1. Introduction :

Le cancer de sein reste le danger qui menace la sécurité car au problème de son diagnostic.

Dans le présent chapitre nous abordons le problème de classification automatique en utilisant les principes deux différents algorithmes : l'algorithme de PMC et l'algorithme CLONCLASS en les appliquant sur la base de **Wisconsin**

IV.2. La base de Wisconsin :

La base de données « Wisconsin Breast Cancer Data base » (WDBC) a fait l'objet de nombreuses études dans le domaine du diagnostic du cancer du sein. La thématique de recherche de créateurs de cette base de données Wolberg, Street Heisy et Managasrian , était l'automatisation du diagnostic par le traitement d'images, l'apprentissage automatique ; cette base a été créer par le travail clinique de Dr WilliamH.Wolberg à l'université de Wisconsin à Madison en 1992.

Notre choix de la base de Wisconsin a été motivé par sa large utilisation ce qui nous permettre de se situé par rapport aux autres travaux et de comparer nos résultats avec d'autres.

Cette base est constituée de 699 instances distribué sur deux classes :458 cas bénins et 241 cas malins .

Chaque instance comporte la valeur de chacun des 11 attributs **Tab IV.1:**

Numéro	Attribut	Domaine
01	Sample code number	Id number
02	Clump Thickness	1-10
03	Uniformity of Cell Size	1-10
04	Uniformity of Cell Shape	1-10
05	Marginal Adhesion	1-10
06	Single Epithelial Cell Size	1-10
07	Bare Nuclei	1-10
08	Bland Chromatin	1-10
09	Normal Nucleoli	1-10
10	Mitoses	1-10
11	Class	(2 for benign, 4 for malignant)

Tab IV.1 les attributs de la base Wisconsin

IV.3. Le taux de classification :

Les taux de classification et d'erreurs permettent d'évaluer la qualité du classifieur par rapport au problème pour lequel il a été conçu. Ces taux sont évalués grâce à une base de test qui contient des formes étiquetées par leur classe réelle d'appartenance comme celles utilisées pour l'apprentissage afin de pouvoir vérifier les réponses du classifieur.

Pour que l'estimation du taux de reconnaissance soit la plus fiable possible, il est important que le classifieur n'ait jamais utilisé les échantillons de cette base pour faire son apprentissage, de plus cette base de test doit être suffisamment représentative du problème de classification.

Les performances en termes de taux de classification sont alors déterminées en présentant au classifieur chacun des exemples de la base de test et en comparant la classe donnée en résultat à la vraie classe.

Le taux de classification correcte est défini par :

$$CC = \frac{VP(i) + VN(i)}{VP(i) + VN(i) + FP(i) + FN(i)}$$

Avec :

VP : Vrai Positif : nombre de positifs classés positifs.

VN : Vrai Négatif : nombre de négatifs classés négatifs.

FP : Faux Positif : nombre de négatifs classés positifs.

FN : Faux Négatif : nombre de positifs classés négatifs.

Pour l'apprentissage PMC, la base de données est constituée de 420 exemples pour les données d'apprentissage et 279 pour les données de test selon les classes des patients. (**Voir Table IV.2)**)

Par contre dans la deuxième méthode CLONCLAS on va inverser entre les deux ensembles : test et train, pour avoir un nombre des patients plus grand dans la phase de test que celle d'entraînement. Cette caractéristique représente un point particulier dans le système immunitaires artificiels qui est inspiré du phénomène naturel de vaccination qui oblige d'avoir un ensemble d'antigène réduit pour que le corps soit capable d'apprendre le vaccin et lutter par la suite contre les grandes attaques d'antigènes.

Les résultats des analyses	Apprentissage	Test
Bénigne	275	183
Maligne	145	96

Table IV.2 Base de données breast-cancer-wisconsin.

IV.4. Environnement de développement :

Pour l'implémentation de notre application établit dans ce chapitre on a utilisé les ressources suivantes :

IV.4.1. Les ressources physiques :

- ❖ Processeur Intel ® Core (TM) i3 CPU M380 @ 2.53 GHz
- ❖ Une Mémoire vive d'une capacité 4.00 Go

IV.4.2. Les ressources logicielles :

- ❖ Système d'exploitation : Windows 7
- ❖ Editeur utilisé est le C++ Builder Version 6

Notre logiciel est écrit en Borland C++ Builder version 6 sous Windows. Le choix de la programmation sous Windows a été pris à cause de l'interface graphique qu'offre l'environnement Windows ; le choix du langage Borland C++ Builder 6 était fondamental puisqu'il renferme des outils très puissants pour traiter des données.

C++ est un outil RAD, c'est à dire tourné vers le développement rapide d'applications (Rapid Application Développement) sous Windows. En un mot, C++ Builder permet de réaliser de façon très simple l'interface des applications et de relier aisément le code utilisateur aux événements Windows, quelle que soit leur origine.

Il repose sur un ensemble très complet de composants visuels prêts à l'emploi. La quasi-totalité des contrôles de Windows (boutons, boîtes de saisies, listes déroulantes, menus et autres barres d'outils) y sont représentés, regroupés par famille.

C++ Builder possède un langage de programmation à la fois puissant et simple d'utilisation, il permet d'exprimer les problèmes et les solutions d'une façon aisée. Il s'impose dans le monde universitaire et industriel comme un outil puissant de réalisation des applications interactives.

IV.5 Description de travail réalisé :

Cette partie est consacrée à la description de la phase de la réalisation et d'implémentation de ce projet, donc nous allons montrer les différents modules de notre application afin d'illustrer plus clairement les diverses utilisations de l'application.

La figure suivante présente la fenêtre principale

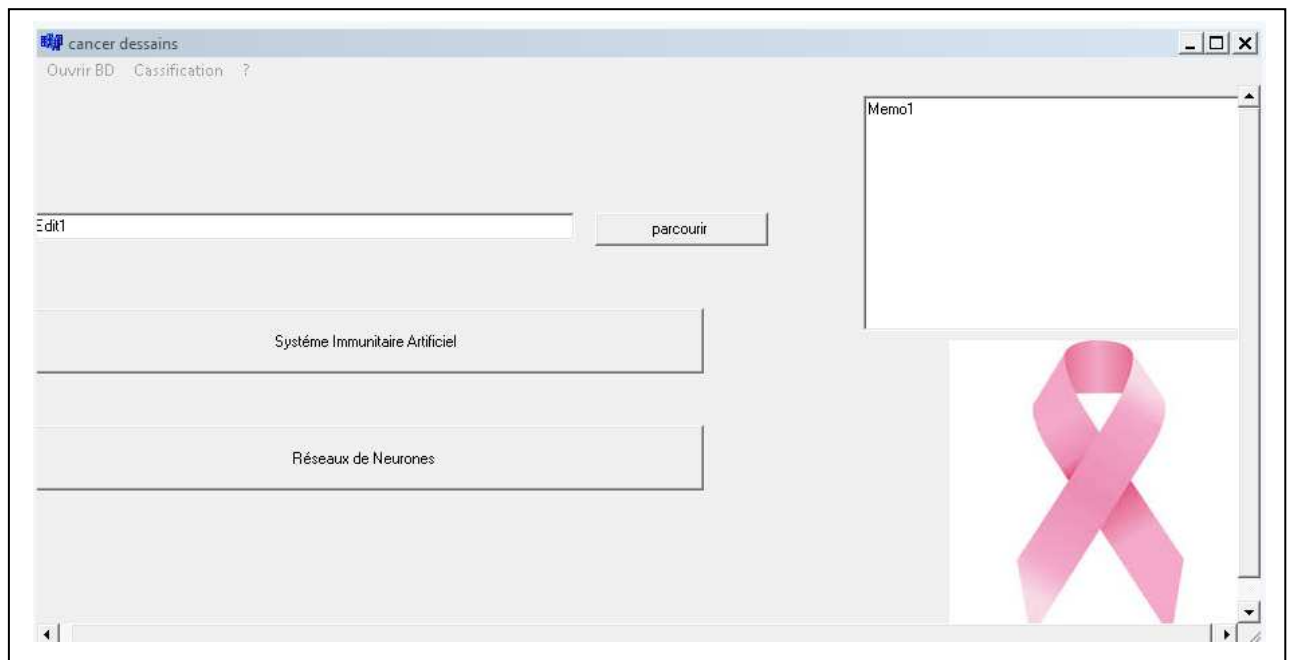


Figure IV.1 fenêtre principal

- En appuyant sur le bouton parcourir on va charger la base de donnée.

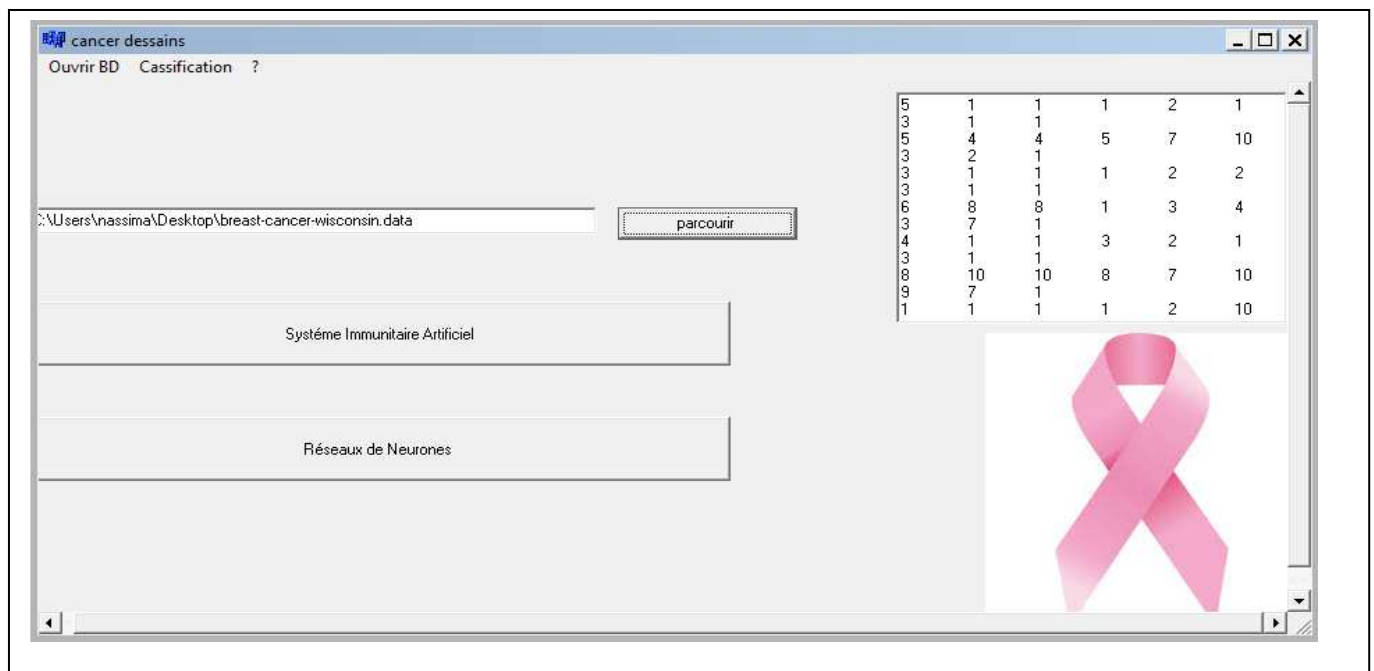


Figure IV.2 chargement de base de donnée

- En appuyant sur le bouton Système Immunitaire Artificiel, la fenêtre ci-dessous va être affichée (voir Figure), c'est la fenêtre qui permet de faire l'application de l'algorithme CLONCLASS sur la base WBCD

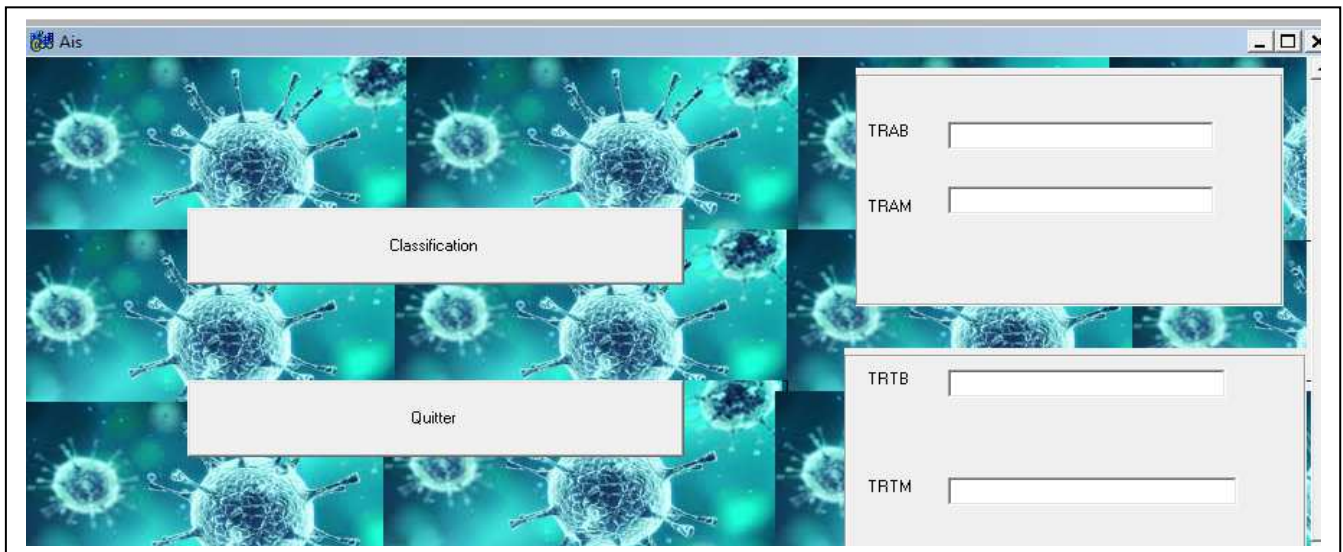


Figure IV.3 Classification avec CLONCLASS

- En appuyant sur le bouton , la fenêtre ci-dessous va être affichée (voir FigureIV.4), c'est la fenêtre qui permet de faire l'application de Réseaux de Neurones de l'algorithme PMC sur la base WBCD



Figure .IV.4 Classification avec PMC

IV.6 Résultats et discussion :

Les méthodes proposées récemment sont appliqués sur les expériences présentées ci-dessous pour le diagnostic du cancer.

	Intitulés des expériences
Expérience 1	Application du PMC sur WBCD
Expérience 2	Application du CLONCLAS sur WBCD

Table IV.3 Table des Expériences

Remarque :

Taux de Reconnaissance (TR) est calculé comme suit :

$$\text{TR} = \text{Nombre Reconnu} / \text{Nombre des exemples.}$$

Taux de Reconnaissance Global (TRG) est calculé comme suit :

$$\text{TRG} = \sum \text{Nombre Reconnu} / \sum \text{Nombre des exemples.}$$

Expérience 1 : Application du PMC sur WBCD

L'algorithme du réseau de neurones PMC est présenté dans le chapitre précédent.

L'architecture du PMC est donnée comme suit :

- ✓ Couche d'entrée contient 9 neurones selon la taille du vecteur en entré (les symptômes de la maladie).
- ✓ Une seule couche cachée a 3 neurones et cela est choisi aléatoirement.

- ✓ Couche de sortie qui contient 2 neurones éventuellement selon le nombre de classes.
- Après le déroulement du programme pour **200** itérations, les résultats sont présentés dans le tableau suivant:

Type de classe	Classification Train				Classification Test			
	Nombre des exemples	Nombre Reconnu	TR	TRG	Nombre des exemples	Nombre Reconnu	TR	TRG
Benigne	275	251	91.27%	88.80%	183	171	93.44%	87.10%
Maligne	145	122	84.13%		96	72	75.00%	

Table IV.4 les résultat de première expérience

➤ **Discussion :**

Le résultat de classification pour l'ensemble d'apprentissage est : 88,80 % et concernant le résultat pour l'ensemble test est : 87,10 %. Alors le taux de reconnaissance global d'apprentissage est supérieur que le taux global de test .on peut lier ce résultat a la propriété d'adaptabilité des réseaux de neurones. Mais d'une façon général les taux de reconnaissance sont favorable.

Classes	Nombre d'anticorps	Nombre d'antigènes
Bénigne	20	183
Maligne	20	96

Table IV.5 Distribution des anticorps et des antigènes

Expérience 2 : Application du CLONCLAS sur WBCD

Dans cette expérience nous avons appliqué l'algorithme CLONCLAS détaillé dans le chapitre précédent. Les paramètres d'apprentissage sont présentés ci-dessous :

Pour dérouler l'apprentissage, il est évident d'initialiser la population initiale d'anticorps à un nombre réduit de cellules (20 cellules) choisit aléatoirement de l'ensemble d'apprentissage pour les deux classes. Le **tableau IV.4** représente l'ensemble des anticorps et des antigènes utilisés dans la phase d'apprentissage pour chaque classe.

Résultats de classification : pour 500 itérations

Type de classe	Classification Train				Classification Test			
	Nombre des exemples	Nombre Reconnu	TR	TRG	Nombre des exemples	Nombre Reconnu	TR	TRG
	183	167	91.26%		275	230	83.64%	

				90.32%				86.43%
Maligne	96	85	88.54%		145	133	91.72%	

Table IV.6 es résultat de deuxième expérience

Discussion :

Le résultat de la classification pour l'ensemble d'apprentissage est de 90.32%, par ailleurs le résultat de classification pour le test est de 86.43%. On remarque que le taux de reconnaissance global pour l'apprentissage est meilleure que le taux reconnaissance global pour le test et ce résultat est évident puisque le principe de mémorisation de système immunitaire naturel, en vue général le taux de reconnaissance pour les deux classes que ce soit pour l'apprentissage ou pour le test est favorable.

IV.6 .1 Etude de comparaison entre les méthodes :

D'après les résultats obtenus, nous pouvons estimer que : ces deux approches sont favorables et fiables et aussi simplifier les opérations de classification. pour les deux méthodes la propriété de mémorisation et l'apprentissage c'est la plus efficace.

En effet, La comparaison de nos expériences est représentée dans le diagramme suivant :

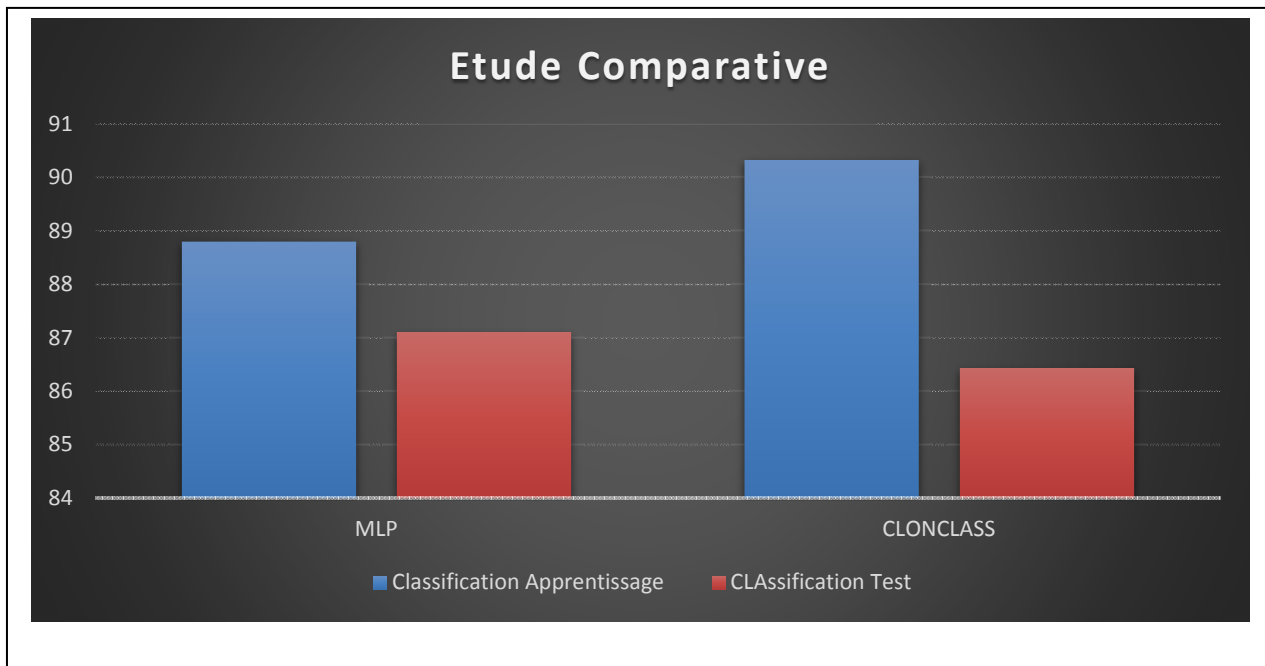


Figure .IV.4 Diagramme de comparaison des résultats

IV.7 Conclusion :

Dans ce chapitre nous avons présenté deux différentes approches l'une des Systèmes Immunitaire Artificiel et l'autre des Réseaux de Neurones qui sont appliqués sur la base de données de cancer WDBC. Selon les résultats obtenus nous pouvons confirmer l'efficacité et la capacité de ces approches pour donner des solutions aux différents problèmes en changeant évidemment quelques paramètres donnés.

Conclusion Générale :

Dans ce mémoire nous avons présenté les méthodes qui sont utilisées afin de traiter le problème du diagnostic du cancer. Au départ nous avons étudié le principe du système immunitaire artificiel qui est un domaine de recherche comble les domaines de l'immunologie, de l'informatique et l'ingénierie. Ensuite, nous avons décrit globalement les réseaux de neurones ainsi que leurs différents modèles.

Le but de ce travail est l'étude comparative entre deux approches immunitaires et neuronales pour pouvoir optimiser les résultats de chacune des méthodes appliquées.

Notre application comparative pour la reconnaissance du cancer vise à renforcer le diagnostic d'une manière distribué. Pour cela nous avons utilisé deux méthodes la première s'appuie sur les Réseaux de Neurones et la deuxième sur les Systèmes Immunitaires Artificiel sur la base de données du cancer .

Bibliographie

- [1] Y. Chabane "Elaboration d'un contrôleur adaptatif pour un robot mobile basé sur les réseaux immunitaires artificiel " Université Saad Dahlab, Blida.
- [2] http://www.sseportsante.net/fr/Maux/Problemes/ArticleInteret.aspx?doc=comprendre_syteme_immunitaire_mantha_2004 (consulté 10/03/2016)
- [3] P. Allain. Les médicaments 3ème édition. Magazine pharmacorama,2006
- [4] LES ANTICORPS, CHU de Rouen, 2009,(<http://www.chu-rouen.fr/cismef/>). //a corrigé
- [5] I. Roitt, "Immunologie", Editions Pradel, 1990.
- [6] http://www.assim.refer.org/raisil/raisil/L02_files/page82-1.-introduction-au-systeme-immunitaire.pdf (consulté le 09/03/2016)
- [7] http://anabible.webethan.org/spip.php?page=print-article&id_article=4955&lang=fr (consulté le 11/03/2016) .
- [8] <http://www.artificial-immune-systems.org/> (consulté le 12/03/2016)
- [9] D.Farmer , N.Packard, A.Perslon "The Immune System adptation and machine learning" Physica,1986.
- [10] P. Helman and S. Forrest. An efficient algorithm for generating random antibody strings. Technical report, Department of Computer Science, University of New Mexico, 1994.
- [11] Leandro Nunes de Castro and Fernando J. Von Zuben."The clonal selection algorithm with engineering applications. In Artificial Immune Systems", pages 36–39, Las Vegas, Nevada, USA, 8 2000 , pages 36–39.
- [12] <https://core.ac.uk/download/files/57/64479.pdf>
- [13] <https://www.semanticscholar.org/paper/An-evolutionary-artificial-immune-system-for-multi-Tan-Goh/a448ed1dc3764c151e38b79afdfa9a060f0b642a/pdf>
- [14] https://www.cs.kent.ac.uk/people/staff/aaf/pub_papers.dir/CEC-2003.pdf
- [15] J. GREENSMITH, U. AICKELIN, J. TWYXCROSS, "Detecting Danger: Applying a Novel Immunological Concept to Intrusion Detection Systems", 6th International Conference on Adaptive Computing in Design and Manufacture (ACDM 2004), Bristol, UK, 2004.
- [16] A. Perelson and G. Oster. Theoretical studies of clonal selection : minimal antibody repertoire size and reliability of self-non-self discrimination .1979.
- [17] Derek J. Smith, Stephanie Forrest, Ron R. Hightower, and Alan S. Perelson. Deriving shape space parameters from immunological data for a model of cross-reactive memory.
- [18] Jason Brownlee, "A Coarse Taxonomy of Artificial Immune Systems", ICT, SUT, Melbourne, Australia.2006.

- [19] A.Abdelhadi "Vers une approche des systèmes multi-agents et méthodes d'émergence pour la maintenance systématique" université Batna .2015.
- [20] Mokhtar Gharbi, "Optimisation grâce aux Systèmes Immunitaires Artificiels", Rapport de stage de Master 2 Recherche Informatique IFSIC, CERV : Centre Européen de Réalité Virtuelle.2006.
- [21] Leandro N. de Castro and Jonathan Timmis. Artificial Immune Systems : A New Computational Intelligence Approach. Springer-Verlag, September 2002
- [22] A. Deneche, S. Meshoul, M. Batouche "Une approche hybride pour la reconnaissance de formes en utilisant un Système Immunitaire Artificiel" ,Computer Vision Group, LIRE Laboratory, Université Mentouri University, Constantine, Algeria .
- [23] G.B.Bezzera, L.N.Decastro, "Bioinformatic data using an Artificial Immune Network " P 22_33
- [24]A.Carlos, D.Cartés Rivera ,Use of an Artificial Immune Système for job shops scheduling" P1_20
- [25] C. TOUZET " Les Réseaux de neurones artificiels introduction au connexionnisme" 1992.
- [26] <http://www.classification-society.org/csna/mda-sw/inform/thesephilippe-poincot/chap3.pdf>
- [27] **G . DREYFUS** : " Les Réseaux de Neurones " , École Supérieure de Physique et de Chimie Industrielles de la Ville de Paris (ESPCI), Laboratoire d'Électronique, PARIS.
- [29] **R.Frank.** "The Perceptron: A Probabilistic Model for Information Storage and Organization in the Brain" , Novembre, 1958.
- [30]<http://www.futura-sciences.com/magazines/high-tech/infos/dossiers/d/robotique-presentation-historique-reseaux-neuronaux-31/> (consulté le 19/03/2015)
- [31] <http://fabien.ficheau.free.fr/node12.html> (consulté 21/03/2016)
- [32] <https://pastel.archives-ouvertes.fr/pastel-00797072> (consulté 21/03/2016)
- [33] **L. SAINT-BAU ZEL** " De la modélisation prédictive du comportement pathologique à l'application dans l'interaction Robot-Patient " Thèse de Doctorat , l'Université . PARIS 6,
- [34] **M.COTRELL** "les Réseaux de Neurones historique méthodes ,application " Samoss_Matiss
- [35] **F.ROSSi** " Réseaux de Neurones : le perceptron multi_couches" Universit'é Paris-IX Dauphine
- [36] **F. BADRAN et S. THIRIA** "Les Perceptrons Multicouches de la régression non linéaire aux problèmes inverses ", Laboratoire d'Océanographie Dynamique et de Climatologie, PARIS, France .

[37] **B.Gosselin** : " Application De Réseaux De Neurones Artificiels A La Reconnaissance Automatique De Caractères Manuscrits ", Thèse de Doctorat, Faculté Polytechnique de Mons, 1995-1996.

[38] **S. CHEKROUNE** "commande neuro-floue sans capteur de vitesse d'une machine asynchrone triphasée ", thèse magister Ecole Normale supérieure d'enseignement 2009.