



Université Batna 2 – Mostefa Ben Boulaïd
Faculté de Technologie
Département de Génie Industriel



Thèse

Préparée au sein du Laboratoire d'Automatique et Productique LAP

Présentée pour l'obtention du diplôme de :
Doctorat 3ème en Génie Industriel
Option : Informatique Industrielle et Productique

Theme :

**Pronostic industriel distribué des systèmes complexes à base
d'agents**

Présentée par :

BENAGGOUNE Khaled

Devant le jury composé de :

| | | | |
|-------------------------|-------|------------------------|---------------|
| M. MOUSS Mohamed Djamel | Prof. | Université de Batna 2 | Président |
| Mme. MOUSS Leila Hayet | Prof. | Université de Batna 2 | Rapporteur |
| M. ZERHOUNI Nouredine | Prof. | Université de Besançon | Co-Rapporteur |
| M. TARI Abdelkamel | Prof. | Université de Bejaia | Examineur |
| M. BENOUDJIT Nabil | Prof. | Université de Batna 2 | Examineur |
| M. KAZAR Okba | Prof. | Université de Biskra | Invité |

À ceux qui ont consacré leur vie à me soutenir et à m'encourager, mes parents et toute ma famille. À mes encadrants, enseignants, amis et à ceux qui m'ont aidé.

Remerciements

Je remercie tout d'abord Dieu le tout puissant, de m'avoir donné le courage pour finaliser mes travaux de thèse. Je tiens à remercier mon directeur de thèse Pr. Leila Hayet MOUSS, Professeur à l'université Batna 2 et Directrice du LAP; Laboratoire d'automatique et Productique de m'avoir accueilli sein du LAP, pour son encadrement, ses précieux conseils, sa disponibilité et sa confiance en mon travail. Ce qui m'a permis une indépendance autour des thèmes de recherche.

Je suis très reconnaissant à mon co-directeur Pr. Nouredine ZERHOUNI, Professeur à l'Ecole nationale supérieure de mécanique et des microtechniques (ENSMM) de m'avoir accueilli au sein du laboratoire Femto-st à ENSMM durant mon séjour en France, pour ses sacrifices en faveur de la science, pour son aide et sa sensibilisation à moi, ainsi que pour ses conseils et sa disponibilité pendant toute la durée de mon séjour.

Je remercie ensuite l'ensemble des membres du jury pour leur présence, pour leur lecture attentive de cette thèse ainsi que pour les remarques qu'ils m'adresseront lors de cette soutenance afin d'améliorer mon travail.

Je remercie également, et sans exception, l'ensemble du personnel du Département Génie Industriel de l'université de Batna2 et aussi le personnel de mon laboratoire d'accueil en France (Femto-st)

Je remercie ma fiancée Samiha Cheurfi pour la patience et le soutien dont elle a fait preuve pendant toute la durée de cette thèse.

Je conclurai en remerciant de tout cœur: Maamri Wahid, Fortas Ibrahim, Saim Hamza, Bensakhria Mohamed, Adnane Abdessemed, Younes Khellaf, Ayoub Benayache, Safa Meraghni, Benouhiba Amine, Nabil Omri.

Je ne peux terminer sans avoir une pensée pour ma famille. Un grand merci à mes parents et ma famille pour leur soutien indéterminé.

Distributed industrial prognostic of complex systems based on agents

Abstract

Industrial systems are becoming more complex due, in particular, to their increasing size and the integration of new technologies. As they age, these systems become more vulnerable to failure, and their maintenance activities are difficult and costly. This situation, combined with the demands for productivity, profit growth, operational availability, and security, is driving practitioners and researchers to seek innovative tools and methods. One of the possible levers is maintenance activities. By maintaining the system, one can reduce its overall lifecycle costs, increase its availability, improve operator safety, and reduce environmental incidents. Maintenance tasks can be either curative or preventive. However, this is not yet sufficient because spare parts are not available or not sufficient at the time of failure or simply because the necessary resources (the maintainers) are busy. "better" maintenance could then be predictive maintenance, which can be performed in the prognostic framework. In predictive maintenance, one first tries to predict the state of health of the system and then plans appropriate actions based on the predictions' results.

This work is related to the field of PHM prognosis and health management. PHM techniques aim at predicting the remaining lifetime of the equipment. However, they have tended to be used in a local context with limited integration of distributed solutions. In complex systems, emergent behavior is more complicated than the sum of their constituent parts' behaviors. This behavior involves propagating faults between the parts and requires information on how the parts are related. In this thesis, we propose a multi-agent approach for the prediction of RUL at the system level. Then, the proposed approach is extended to medical PHM with a case study

Pronostic industriel distribué des systèmes complexes à base d'agents

Résumé

Les systèmes industriels deviennent plus complexes en raison, notamment, de leur taille croissante et de l'intégration des nouvelles technologies. En vieillissant, ces systèmes deviennent plus vulnérables aux défaillances et leurs activités de maintenance sont difficiles et coûteuses. Cette situation, combinée aux exigences de productivité, de croissance des bénéfices, de disponibilité opérationnelle et de sécurité, pousse les praticiens et les chercheurs à développer des outils et des méthodes innovants. Les activités de maintenance constituent l'un des leviers possibles. En entretenant le système, nous pouvons réduire les coûts globaux de son cycle de vie, augmenter sa disponibilité, améliorer la sécurité des opérateurs et réduire les incidents environnementaux. Les tâches de maintenance peuvent être soit curatives, soit préventives. Cependant, cela n'est pas encore suffisant parce que les pièces de rechange ne sont pas disponibles ou pas suffisantes au moment de la panne ou simplement parce que les ressources nécessaires (les responsables de la maintenance) sont occupées. Une "meilleure" solution pourrait alors être une maintenance prédictive, qui peut être effectuée dans le framework du pronostic. Dans ce cadre nous essayons de prévoir l'état de santé du système, puis on planifie les actions appropriées en fonction des résultats des prévisions.

Ce travail s'inscrit dans le domaine du pronostic de la PHM et de la gestion de la santé. Les techniques de PHM visent à prédire la durée de vie restante de l'équipement. Cependant, elles ont eu tendance à être utilisées dans un contexte local avec une intégration limitée des solutions distribuées. Dans les systèmes complexes, le comportement émergent est plus compliqué que la somme des comportements de leurs parties constitutives. Ce comportement implique la propagation de défauts entre les parties et nécessite des informations sur la façon dont les parties sont liées. Dans cette thèse, nous proposons une approche multi-agent pour la prédiction de la RUL au niveau du système. Ensuite, l'approche proposée est étendue à la PHM médicale avec une étude de cas

التشخيص الصناعي الموزع للأنظمة المعقدة القائم على الوكلاء

ملخص الأطروحة

أصبحت النظم الصناعية أكثر تعقيدًا ، على وجه الخصوص ، بسبب حجمها المتزايد وتكامل التقنيات الجديدة. مع تقدم العمر ، تصبح هذه الأنظمة أكثر عرضة للفشل ، وتكون أنشطتها صيانتها صعبة ومكلفة. هذا الوضع ، جنبًا إلى جنب مع متطلبات الإنتاجية ونمو الأرباح والتوافر التشغيلي والأمن ، يدفع الممارسين والباحثين إلى البحث عن أدوات وأساليب مبتكرة. إحدى الروافع المحتملة هي أنشطة الصيانة. من خلال صيانة النظام ، يمكن للمرء تقليل تكاليف دورة حياته الإجمالية ، وزيادة توافره ، وتحسين سلامة المشغل ، وتقليل الحوادث البيئية. يمكن أن تكون مهام الصيانة علاجية أو وقائية. ومع ذلك ، هذا ليس كافيًا حتى الآن لأن قطع الغيار غير متوفرة أو غير كافية وقت الفشل أو لمجرد أن الموارد الضرورية (القائمين بالصيانة) مشغولون. يمكن بعد ذلك أن تكون الصيانة "الأفضل" هي الصيانة التنبؤية ، والتي يمكن إجراؤها في إطار عمل الإنذار. في الصيانة التنبؤية ، يحاول المرء أولاً التنبؤ بالحالة الصحية للنظام ثم يخطط للإجراءات المناسبة بناءً على نتائج التنبؤات.

يرتبط هذا العمل بمجال إدارة النذير والصحة PHM. تهدف تقنيات PHM إلى توقع العمر المتبقي للمعدات. ومع ذلك ، فقد تم استخدامها في سياق محلي مع تكامل محدود للحلول الموزعة. في الأنظمة المعقدة ، يكون السلوك الناشئ أكثر تعقيدًا من مجموع سلوكيات الأجزاء المكونة لها. يتضمن هذا السلوك نشر الأخطاء بين الأجزاء ويتطلب معلومات حول كيفية ارتباط الأجزاء. في هذه الأطروحة ، نقترح نهجًا متعدد العوامل للتنبؤ بالعمر النافع المتبقي RUL على مستوى النظام. بعد ذلك ، يتم توسيع النهج المقترح ليشمل PHM الطبي مع دراسة حالة.

Sommaire

| | |
|--|------------|
| Liste des figures | xi |
| Liste des tableaux | xv |
| Abréviations | xvi |
| Introduction générale | 1 |
| 1 Pronostic de défaillance | 7 |
| 1.1 Introduction | 7 |
| 1.2 Stratégies de maintenance | 8 |
| 1.2.1 Maintenance corrective | 8 |
| 1.2.2 Maintenance préventive | 9 |
| 1.3 Pronostic et gestion de la santé d'un système (PHM) | 10 |
| 1.4 Pronostic de défaillance | 12 |
| 1.4.1 Définition | 12 |
| 1.4.2 Classification des approches de pronostic | 14 |
| 1.5 Pronostic de systèmes multi-composants | 19 |
| 1.6 Système Multi-Agents | 20 |
| 1.6.1 Le concept d'agent | 21 |
| 1.6.2 Système Multi-Agents | 22 |
| 1.6.3 Pourquoi s'intéresser au Système Multi-Agents? | 23 |
| 1.7 Conclusion | 25 |
| 2 Pronostic des systèmes complexes avec une dépendance stochastique à base d'agents | 26 |
| 2.1 Introduction | 27 |
| 2.2 Etat de l'art | 27 |
| 2.2.1 Pronostic des systèmes complexes | 27 |

| | | |
|----------|--|-----------|
| 2.2.2 | L'application des Systèmes Multi-Agents pour le pronostic des systèmes complexes | 29 |
| 2.3 | Objectifs et contributions | 29 |
| 2.4 | Modélisation de systèmes à composants multiples avec structure complexe | 30 |
| 2.4.1 | Démarche générique pour le pronostic des systèmes à composants multiples | 31 |
| 2.4.2 | Pronostic des composants fondé sur la fiabilité | 32 |
| 2.4.3 | Dépendance structurelle | 33 |
| 2.4.4 | Dépendance fonctionnelle | 34 |
| 2.4.5 | Dépendance stochastique | 36 |
| 2.4.6 | Pronostic du système global | 42 |
| 2.5 | Système Multi-Agent Holonic pour le pronostic global des systèmes à composants multiple (SMA-Prog) | 42 |
| 2.5.1 | Organisation du système | 42 |
| 2.5.2 | Modélisation | 44 |
| 2.6 | Etude de cas | 48 |
| 2.7 | Résultats obtenus | 50 |
| 2.8 | Discussion | 53 |
| 2.9 | Conclusion | 54 |
| 3 | DeepAgent: Un agent de Pronostic Local à base de données | 55 |
| 3.1 | Introduction | 55 |
| 3.2 | Etat de l'art | 56 |
| 3.2.1 | Techniques traditionnelles | 56 |
| 3.2.2 | Techniques basées sur l'apprentissage profond | 57 |
| 3.2.3 | Techniques basées sur les réseaux convolutifs temporels | 59 |
| 3.3 | Contribution | 60 |
| 3.4 | Réseau de Neurones Temporel: TCN | 61 |
| 3.4.1 | 1D CNN | 62 |
| 3.4.2 | Causal | 63 |
| 3.4.3 | Dilation | 63 |
| 3.4.4 | Bloc résiduel | 63 |
| 3.5 | DeepAgent | 64 |
| 3.5.1 | Modélisation du DeepAgent | 64 |
| 3.5.2 | Approche d'apprentissage profond pour le DeepAgent | 66 |
| 3.6 | Etude de cas | 69 |
| 3.6.1 | Description du jeu de données | 69 |

| | | |
|----------|---|-----------|
| 3.6.2 | Prétraitement des données | 70 |
| 3.7 | Résultats | 72 |
| 3.7.1 | Mise en place de l'approche | 72 |
| 3.7.2 | Prédiction de RUL sur le jeu de données CMAPSS | 73 |
| 3.7.3 | Performance de l'approche proposée dans différentes conditions de fonctionnement et modes de défaillance | 74 |
| 3.7.4 | Comparaison avec des travaux connexes | 75 |
| 3.7.5 | Impact de la taille de la couche dense | 77 |
| 3.8 | Conclusion | 79 |
| 4 | Vers La PHM Médicale | 80 |
| 4.1 | Introduction | 80 |
| 4.2 | Motivation | 81 |
| 4.3 | L'IA dans le monde médical | 81 |
| 4.4 | Pathologie Digitale | 83 |
| 4.5 | L'application de la PHM en pathologie digitale PHM-M | 84 |
| 4.5.1 | Acquisition des slides | 85 |
| 4.5.2 | Traitement des WSIs | 85 |
| 4.5.3 | Évaluation de l'état | 86 |
| 4.5.4 | Diagnostic | 86 |
| 4.5.5 | Pronostic | 86 |
| 4.5.6 | Prise de décision | 87 |
| 4.5.7 | Interaction Homme-Machine (IHM) | 87 |
| 5 | Qualité des données dans la pathologie digitale | 89 |
| 5.1 | Introduction | 89 |
| 5.2 | Contexte | 90 |
| 5.3 | Problèmes de pathologie digitale : qualité de l'image et du marquage | 92 |
| 5.3.1 | Descriptions et questions relatives à la qualité des images | 93 |
| 5.3.2 | Description et questions relatives à la qualité du marquage | 94 |
| 5.4 | Solutions aux problèmes de qualité de l'image | 95 |
| 5.4.1 | Préparation des tissus | 95 |
| 5.4.2 | Scannage des tissus | 96 |
| 5.4.3 | Post traitement | 100 |
| 5.4.4 | Adaptation du modèle | 101 |
| 5.5 | Solutions aux problèmes de qualité du marquage | 103 |
| 5.5.1 | Solutions pour les erreurs de marquage | 103 |

| | | |
|----------|---|------------|
| 5.5.2 | Processus de marquage : Analyse des erreurs | 104 |
| 5.5.3 | Traitement des données : Prévention et correction des erreurs . . . | 105 |
| 5.5.4 | Conception de modèles : Amélioration du modèle | 106 |
| 5.5.5 | Résultats : Analyse et correction des résultats | 108 |
| 5.5.6 | Solutions pour un marquage limité | 109 |
| 5.6 | Discussion | 116 |
| 6 | Une approche automatique basée sur l'apprentissage profond pour l'évaluation de l'indice Ki-67 pour le pronostic du cancer du sein | 120 |
| 6.1 | Introduction | 120 |
| 6.2 | Contexte | 121 |
| 6.3 | Etat de l'art | 122 |
| 6.4 | Approche proposée pour l'estimation de l'index de prolifération de Ki-67 (PI) | 125 |
| 6.4.1 | Préparation des données | 126 |
| 6.4.2 | Prétraitement des données | 127 |
| 6.4.3 | Segmentation sémantique | 128 |
| 6.4.4 | Détection des régions superposées | 130 |
| 6.4.5 | Séparation des noyaux superposés | 132 |
| 6.4.6 | Classification des noyaux | 132 |
| 6.4.7 | Notation de l'indice de prolifération | 134 |
| 6.4.8 | Analyse statistique | 135 |
| 6.5 | Résultats expérimentaux | 138 |
| 6.5.1 | Résultats de la segmentation | 138 |
| 6.5.2 | Résultats de la séparation des noyaux superposés | 139 |
| 6.5.3 | Résultats de la classification | 140 |
| 6.5.4 | Résultats de l'IP (Ki-67 index) | 141 |
| 6.6 | Discussion | 145 |
| 6.7 | Conclusion | 146 |
| | Conclusion générale et Travaux futurs | 147 |
| | Production scientifique | 151 |
| | Références bibliographiques | 153 |

Liste des figures

| | |
|---|-----------|
| Chapitre 1 | 7 |
| 1.1 Classifications des types de maintenance. | 8 |
| 1.2 Processus PHM | 11 |
| 1.3 RUL: date limite de consommation Khelif [1] | 12 |
| 1.4 Evolution de la dégradation jusqu'à un seuil de défaillance. Différence entre RUL et EOL. | 14 |
| 1.5 Classification des approches de pronostic. | 15 |
| 1.6 Réseau de neurones (feed-forward). | 18 |
| 1.7 Un agent dans son environnement. | 21 |
| 1.8 Illustre un Système Multi-Agents avec un aspect d'organisation, interaction, et zone influence. | 23 |
| | |
| Chapitre 2 | 26 |
| 2.1 Démarche générique pour le pronostic des SCM. | 31 |
| 2.2 Représentation structurelle du SCM. | 33 |
| 2.3 Représentation fonctionnelle des composants en série dans un SCM. | 34 |
| 2.4 Représentation fonctionnelle des composants en parallèle dans un SCM. | 35 |
| 2.5 Représentation graphique d'une fonction simple et redondante avec une relation d'appartenance. | 36 |
| 2.6 Mise à jour de la RUL en fonction de l'impact de l'interaction de la dégradation. | 40 |
| 2.7 Weibull CDF avec différents états de dégradation Benaggoune et al. [2] | 41 |
| 2.8 Détérioration des composants sous l'effet de la charge Benaggoune et al. [2]. | 42 |
| 2.9 CDF de Weibull pour la modélisation de la dégradation des composants : le composant est déclaré hors service lorsque le niveau de dégradation atteint un seuil prédéfini Benaggoune et al. [2]. | 43 |
| 2.10 Mise à jour de la RUL sous dépendance stochastique. | 44 |

| | | |
|-------------------|---|-----------|
| 2.11 | Système Multi-Agents Holonique pour le pronostic (SMA-Prog). | 45 |
| 2.12 | Diagramme d'activité d'un agent de pronostic local Benaggoune et al. [2]. | 46 |
| 2.13 | Diagramme d'activité d'un agent de pronostic fonctionnel. | 47 |
| 2.14 | Exemple numérique d'un système à composants multiples. | 49 |
| 2.15 | Affichage de l'interaction entre agents par l'agent Snifer de JADE Benaggoune et al. [2]. | 50 |
| 2.16 | Évolution de la dégradation des composants tenant en considération la dépendance stochastique Benaggoune et al. [2]. | 51 |
| 2.17 | Fonction de densité de probabilité de la composante affectée sous dépendance stochastique. | 52 |
| 2.18 | RUL globale du système avec et sans la dépendance stochastique | 52 |
| 2.19 | Impact de la composante d'influence sur la RUL globale du système: la simulation de la RUL globale avec différentes valeurs du paramètre de forme k du composant C2. | 53 |
| Chapitre 3 | | 55 |
| 3.1 | Calcul parallèle d'un CNN 1D. A: une couche dense avec trois entrées. B: 1D CNN, un CNN unidimensionnel avec une taille de noyau = 3. | 62 |
| 3.2 | Réseau convolutif causal dilaté. | 64 |
| 3.3 | Le premier cycle du DeepAgent. Un processus itérative pour surveiller le composant en temps réel. | 65 |
| 3.4 | Le deuxième cycle du DeepAgent. Un apprentissage hors ligne du modèle utilisé en temps réel pour la prédiction de la RUL. | 66 |
| 3.5 | Approche proposée pour l'estimation de la RUL sans fenêtre glissante. | 67 |
| 3.6 | Module TCN. (gauche) un stack du réseau causal dilaté résiduel avec dilata-tion = (1,2,4,8,16,32,64). (droite) éléments de bloc résiduels. | 68 |
| 3.7 | Fonction linéaire par morceaux pour la cible RUL. | 71 |
| 3.8 | Comparaison des fonctions de score et de RMSE. La pénalisation des prédictions tardives de RUL. | 71 |
| 3.9 | erreur de validation du modèle sur les différents sous-ensembles FD001, FD002, FD003, et FD004. | 72 |
| 3.10 | Résultats de prédiction obtenus à partir de différentes unités de test. Résultats de: 1- 100 unités de l'ensemble de données FD001. 2- 259 unités du jeu de données FD002. 3- 100 unités du jeu de données FD003. 4- 248 unités de l'ensemble de données FD004. | 74 |

| | | |
|-------------------|--|------------|
| 3.11 | Différents échantillons d'unités de test pour l'estimation des RULs à partir des quatre ensembles de données.. | 75 |
| 3.12 | Histogramme de distribution de l'erreur absolue entre la RUL prédite et la RUL réelle pour les quatre sous-ensembles. | 76 |
| 3.13 | Box plot des cinq résultats de validation croisée du SS-TCN sur les quatre sous-ensembles. Le meilleur résultat de FD001 est 176.05, de FD002 est 555.27, de FD003 est 156.4, et de FD004 est 984.1. | 77 |
| 3.14 | Résultats de la validation croisée du modèle SS-TCN sur le jeu de données FD001 avec différentes tailles de la couche dense dans le module de prédiction. | 78 |
| Chapitre 4 | | 80 |
| 4.1 | PHM-M, flux pour la pathologie digitale. | 84 |
| 4.2 | Evaluation du score Ki67 avec l'outil Qupath Bankhead et al. [3]: A- sélection d'une région d'intérêt, B- estimation de Ki-67 score. | 87 |
| Chapitre 5 | | 89 |
| 5.1 | Qualité des données et les solutions systématiques pour l'améliorer. | 92 |
| 5.2 | Qualité d'image dans le processus de la pathologie numérique, de la préparation des diapositives au développement du modèle. | 96 |
| 5.3 | Préparation des tissus. | 97 |
| 5.4 | Artefact sur les diapositives numériques : a- mauvaise coloration. b- goutte d'huile. c- lavage inefficace. d- rides. e- flou | 97 |
| 5.5 | Etude de la qualité du marquage dans le domaine de la pathologie digitale. | 103 |
| 5.6 | Analyse des erreurs de marquage sur la performance des modèles de l'IA | 104 |
| 5.7 | Vérification et correction des erreurs par la méthode d'échantillonnage - évaluation de l'importance de l'échantillonnage | 118 |
| 5.8 | Outils de pathologiste en boucle : Importance du pathologiste dans le flux de travail de la pathologie digitale. | 119 |
| Chapitre 6 | | 120 |
| 6.1 | Noyaux superposés de différents types. Les noyaux immunopositifs sont annotés en rouge et les noyaux immunonégatifs en vert. | 123 |
| 6.2 | Organigramme des méthodes de comptage de cellules proposées, du pré-traitement des données à l'estimation de l'indice de marquage ki-67. | 126 |

| | | |
|------|---|-----|
| 6.3 | Variation de la coloration dans les images H-DAB. | 128 |
| 6.4 | Segmentation sémantique à l'aide de U-net avec squeeze et excitation ResNet backbone. | 129 |
| 6.5 | Approche proposée pour la segmentation des noyaux superposés. a- image originale, b- carte de probabilité, c- masque binaire, d- image originale avec masque généré après séparation des noyaux superposés. | 130 |
| 6.6 | Procédure de détection des régions de noyaux superposés à l'aide du classificateur GB. | 131 |
| 6.7 | Séparation des noyaux superposés sur la base d'une ligne de partage des eaux fondée sur des marqueurs | 133 |
| 6.8 | L'approche proposée pour la séparation des noyaux superposés. | 134 |
| 6.9 | Variations des noyaux génèrent un niveau élevé de faux positifs et de faux négatifs. | 135 |
| 6.10 | Approche proposée pour la classification des noyaux. | 135 |
| 6.11 | Résultats de la segmentation sémantique : bonne détection des réseaux entièrement convolutifs, en particulier avec l'approche proposée combinant le réseau résiduel d'excitation de Squeeze avec l'algorithme Unet. Les méthodes conventionnelles souffrent de sursegmentation en raison de la mauvaise qualité de la coloration, et de la présence de cellules d'inflammation de même couleur que les noyaux négatifs. | 138 |
| 6.12 | Comparaison de l'approche proposée de séparation des noyaux superposés avec différentes techniques : Un traitement simple avec des filtres simples donne une sous-segmentation. D'autre part, la Transform Watershed et le GMM séparent les noyaux de manière incorrecte, y compris les noyaux uniques. L'approche proposée à la dernière ligne donne de meilleurs résultats. | 139 |
| 6.13 | Courbe ROC et AUC de l'approche proposée en comparaison avec différents classificateurs. | 141 |
| 6.14 | Résultats de Spearman, R-carré et Bland-Altman de l'IP prédit et de l'IP manuel pour différentes méthodes. La différence entre les méthodes pour les graphiques de Bland-Altman correspond à (IP manuel - IP automatique). | 143 |
| 6.15 | Évaluation qualitative de l'estimation de l'IP. 1: image originale de deux régions avec un taux de prolifération différent. 2: Résultats de l'IHCCH. 3: Résultats de l'approche proposée. 4: Résultats de Qupath | 144 |

Liste des tableaux

| | | |
|-------------------|---|------------|
| Tableau 1 | Questions de recherche | 3 |
| Chapitre 1 | | 7 |
| Chapitre 2 | | 26 |
| Tableau 2.1 | Étude comparative des différents types de dépendances inclus dans l'estimation RUL | 30 |
| Tableau 2.2 | Les paramètres de Weibull pour chaque composant. | 49 |
| Chapitre 3 | | 55 |
| Tableau 3.1 | Informations détaillées sur le jeu de données CMAPSS | 70 |
| Tableau 3.2 | Paramètres du réseau | 73 |
| Tableau 3.3 | Comparaison de l'approche proposée avec des méthodes connexes sur le jeu de données CMAPSS. | 77 |
| Tableau 3.4 | Comparaison avec 12 modèles récents de l'état de l'art sur le jeu de données CMAPSS. | 78 |
| Chapitre 4 | | 80 |
| Chapitre 5 | | 89 |
| Chapitre 6 | | 120 |
| Tableau 6.1 | résultats de la segmentation sémantique | 140 |
| Tableau 6.2 | Résultats de la segmentation avec SER-Unet après séparation des différentes techniques. | 140 |
| Tableau 6.3 | Résultats de la classification | 141 |

Abréviations

Roman Symbols

| | | | |
|------------|-------------------------------|-------------------|---------------------------------------|
| <i>AUC</i> | Area Under Curve | <i>LSTM</i> | Long-Short Term Memory |
| <i>CBM</i> | Condition Based Maintenance | <i>MTTF</i> | Mean Time to Failure |
| <i>CNN</i> | Convolution Neural Network | <i>PHM</i> | Prognostic and Health Management |
| <i>DL</i> | Deep Learning | <i>PHM – M</i> | PHM Medicale |
| <i>DTW</i> | Distance Transform Watershed | <i>PQ</i> | Panoptic Quality |
| <i>EP</i> | Expertise du Pathologiste | <i>QI</i> | Qualité d'Image |
| <i>FCN</i> | Fully Convolution Network | <i>QM</i> | Qualité du Marquage |
| <i>FN</i> | False Negative | <i>RF</i> | Random Forest |
| <i>FP</i> | False Positive | <i>RUL</i> | Remaining Useful Life |
| <i>GB</i> | Gradient Boosting | <i>S – RUL</i> | System level Remaining Useful Life |
| <i>GMM</i> | Gaussian Mixture Model | <i>SAD</i> | Système d'Aide à la Décision |
| <i>HES</i> | (Hématoxyline, Eosine, Safran | <i>SER – Unet</i> | Squeez and Excitation Resnet Unet |
| <i>HI</i> | Health Indicator | <i>SMA</i> | Système Multi-Agents |
| <i>IA</i> | Intelligence Artificielle | <i>SMA – Prog</i> | Système Multi-Agent pour le Pronostic |
| <i>IHM</i> | Interaction Homme-Machine | <i>SVM</i> | Support Vector Machine |
| <i>IP</i> | Indice de Proliferation | <i>TCN</i> | Temporal Neural Network |
| | | <i>TN</i> | True Negative |
| | | <i>TP</i> | True Positive |
| | | <i>WSI</i> | Whole Slide Image |

Introduction générale

Motivation

Un système de gestion de la santé par pronostic (PHM) est l'un des éléments essentiels des systèmes modernes. Au cours des dernières décennies, les technologies PHM, telles que le traitement des données, l'extraction de caractéristiques, le diagnostic des erreurs et le pronostic des défaillances, ont gagné en maturité. De nombreux nouveaux algorithmes et techniques de PHM ont été publiés dans divers domaines. Cependant, très peu d'études sur les architectures des systèmes PHM ont été rapportées. Avec la complexité croissante du système PHM, des architectures de systèmes modulaires et flexibles sont nécessaires pour intégrer tous les composants du PHM de manière transparente. L'industrie et le médical sont désireux d'acquiescer de telles architectures de système qui permettent aux composants du PHM d'être facilement déployés et maintenus dans les systèmes cibles tout en étant mis en œuvre en temps réel et à bord.

L'architecture est l'organisation fondamentale d'un système, incarnée par ses composants, ses relations entre eux et avec l'environnement, et les principes qui guident l'évolution de sa conception. Essentiellement, l'architecture sert à la construction d'un système en aidant les développeurs à intégrer les différents composants (sous-systèmes) du logiciel et à aider les chefs de projet à mieux gérer le projet pendant le processus de construction du système en démontrant l'étendue des exigences de travail nécessaires à ce dernier.

Sous le volet de l'intelligence artificielle distribuée, on trouve les systèmes multi-agents (SMA). Le SMA est un système informatisé composé de multiples agents intelligents en interaction. Les systèmes multi-agents peuvent résoudre des problèmes difficiles ou impossibles à résoudre pour un agent individuel. L'intelligence peut comprendre des approches méthodiques, fonctionnelles, procédurales ou des recherches algorithmiques.

SMA semble être le bon choix pour S-Prog. Cependant, la structure des agents et la modélisation de leurs interactions restent une tâche difficile pour assurer la fonction du pronostic d'un ensemble hétérogène de composants. À cet égard, l'étude a examiné la question suivante : que se passe-t-il si l'entité agent peut prendre connaissance de nouvelles

informations ou connaissances sur le composant ou la structure du système surveillé de manière automatisée ? En d'autres termes, que se passe-t-il si l'ensemble des agents peut s'adapter à des situations nouvelles sans être explicitement informé manuellement ? En fait, cette question hypothétique représentait une motivation clé pour l'étude. L'effort principal a été orienté vers l'étude des possibilités de développement de solutions de pronostic distribuées automatisées au niveau du système qui sont aidées par des méthodes et des algorithmes d'intelligence artificielle récents.

Questions de recherche

Dans une analyse perspicace, Sterman [4] a affirmé que:

"Le défi est de savoir comment passer des généralisations sur l'accélération de l'apprentissage et la pensée systémique à des outils et des processus qui nous aident à comprendre la complexité et à concevoir de meilleures politiques".

M. Sterman a notamment fait la remarque qu'il est important de développer des outils d'assistance qui peuvent soutenir le processus d'apprentissage des systèmes et de compréhension de leur complexité. La complexité des systèmes peut être interprétée en termes de plusieurs dimensions. Une dimension possible peut être l'hétérogénéité des sous systèmes et des composants qui nécessitent une bonne description et une étude détaillée de la structure du système. Une autre dimension peut être attribuée aux données et méta-données qui constituent la connaissance du système. Les systèmes peuvent actuellement traiter des quantités extraordinaires de données. En raison de cette omniprésence, la connaissance des systèmes peut donc devenir plus dépendante des structures et des données empiriques accumulées ou générées rapidement.

À cet égard, il convient de tenir compte du fait que les pronostics impliqués dans des systèmes aussi complexes font peser une charge supplémentaire sur le processus de modélisation, qui peut aller au-delà de l'agrégation des pronostics locaux à de nombreux égards. Par exemple, il peut être nécessaire d'extraire des connaissances des flux de données dynamiques accumulés à grande vitesse, ainsi que des dépendances des sous-systèmes et des composants. Par conséquent, la complexité de la fonction de pronostic peut également être interprétée en termes de complexité de la structure du système et des données englobant la connaissance du système.

Compte tenu de l'élan important pris par l'intelligence distribuée au cours des dernières années, les approches basées sur les agents peuvent être utilisées pour modéliser les systèmes, réduire la complexité et mieux représenter les interactions entre les différents composants du système. Dans cette optique, l'étude a été principalement motivée par le fait que les solutions

Tab 1 Questions de recherche

| Questions | Motivations |
|---|---|
| Comment utiliser une approche basée sur les agents pour assister un pronostic global du système? | Utilisation des Systèmes Multi-Agents comme cadre de la fonction pronostic pour modéliser le système et réduire la complexité au sein d'un système complexe. |
| Quelles techniques de pronostic peuvent être appropriées pour la perception de la structure ou du comportement des composants surveillés. | Explorer les approches possibles (les outils statistiques, l'apprentissage supervisé ou non supervisé) pour faire des pronostics sur les composants surveillés. |
| Est-il possible d'intégrer des modèles de pronostic avec des agents de manière à soutenir le processus de surveillance des composants en ligne? Si oui, comment? | Les limites de nos modèles de pronostic locaux soulèvent le besoin d'envisager davantage de dépendances par rapport au composant surveillé ou d'autres dépendances structurelles, fonctionnelles et stochastiques. |
| Le pronostic fondé sur les données est davantage utilisé pour les systèmes complexes ; cependant, comment traiter la complexité des données aux différents niveaux des systèmes pour améliorer les modèles de pronostic ? | Le croisement entre les solutions basées sur les données et le paradigme des agents permet d'intégrer les différentes étapes du prétraitement des données, de l'extraction des caractéristiques et de l'entraînement des modèles pour des tâches de pronostic local qui ne sont pas identiques. |
| Le lien entre les étapes du cycle PHM et le retour d'expérience est difficilement établi, notamment pour une meilleure performance pronostique. Comment les différentes étapes s'influencent-elles mutuellement ? Comment pouvons-nous quantifier et empêcher cet impact afin d'augmenter la performance du pronostic ? | Le paradigme de l'agent permet de présenter chaque étape du cycle PHM comme un agent pouvant coordonner, interagir et négocier avec les agents des autres étapes, ce qui permet de quantifier l'impact et d'éviter la propagation des erreurs et de la qualité altérée. |

basées sur les agents devraient être considérées comme une voie valable pour la tâche de pronostic au niveau du système (S-Prog).

Pour cibler l'étude, une série de questions de motivation ont été spécifiquement abordées à cet égard (Tableau 1). Tout au long des chapitres de la thèse, ces questions sont abordées à l'aide d'exemples pratiques qui peuvent démontrer comment l'approche basée sur les agents peut soutenir la fonction pronostique au niveau d'un système complexe.

PHM-SMA: opportunités et challenges

Actuellement, la technologie PHM a une large application dans les domaines civils, tels que l'aviation civile, l'automobile, les centrales nucléaires, les grandes centrales, etc Meng and Li [5]. Cependant, les recherches passées ont révélé de nombreux défis, tant en théorie qu'en pratique. L'adoption de l'équipement de surveillance avancé et des capteurs intelligents, l'interaction entre composants et sous-systèmes, la fusion et le grand nombre de données et leurs interactions, la qualité des données n'ont suscité que peu de préoccupations. La capacité de prévision de la durée de vie restante s'est donc améliorée dans une certaine mesure, mais ce n'est pas évident. Quant à l'aspect de la pratique, la construction d'un système PHM pour les équipements complexes se voit confrontée à encore plus de défis. L'un des défis consiste à intégrer les informations locales du PHM provenant d'une variété de sous-systèmes et de composants. De plus, il est difficile de développer des solutions dans

des environnements très dynamiques, incertains et complexes Mosallam et al. [6]. En outre, l'application du système PHM est limitée uniquement au composant/système critique. Le point essentiel de l'amélioration du système PHM, de savoir comment réaliser la mise en relation des informations sur les défauts et des solutions numériques en temps réel.

Pour cet aspect, les principaux apports de cette thèse sont de trois dimensions :

- L'utilisation de systèmes d'agents holoniques pour le pronostic au niveau du système afin de résoudre le problème de l'interaction des sous-systèmes.
- La proposition d'un agent de pronostic profond basé sur un réseau neuronal convolutif 1D pour le pronostic en ligne.
- Proposer un framework PHM médical pour relever le défi de la qualité des données dans le domaine de la pathologie digitale.

Hypothèse de l'étude

A la lumière des motivations et des questions mentionnées, les hypothèses suivantes sont faites sur le cadre présenté de la thèse comme suit :

- les composants du système sont censés être surveillés et équipés de capteurs.
- Le vieillissement du système dépend de son taux d'utilisation, du temps passé et des conditions environnementales.
- le vieillissement des composants est considéré comme un processus monotone qui peut se manifester dans la composition physique et chimique de ceux-ci.
- Les défauts à pronostiquer ne sont pas instantanés. En d'autres termes, ces défaillances présentent une tendance, et leur évolution vers une défaillance ou un état de danger est plus lente que le temps de calcul nécessaire pour les détecter et le temps de prendre des mesures correctives.
- Les données des capteurs sont fiables. Le framework suppose que les données d'entrée qu'il récupère des capteurs et leurs caractéristiques sont correctes. Il ne fait aucun effort pour les valider et n'est pas conçu pour faire face aux problèmes liés aux capteurs.
- L'agent connaît l'autre agent avec lequel il doit communiquer pendant le processus de coordination. La "découverte de l'agent" est en soi un problème délicat, mais il n'entre pas dans le cadre des recherches actuelles.

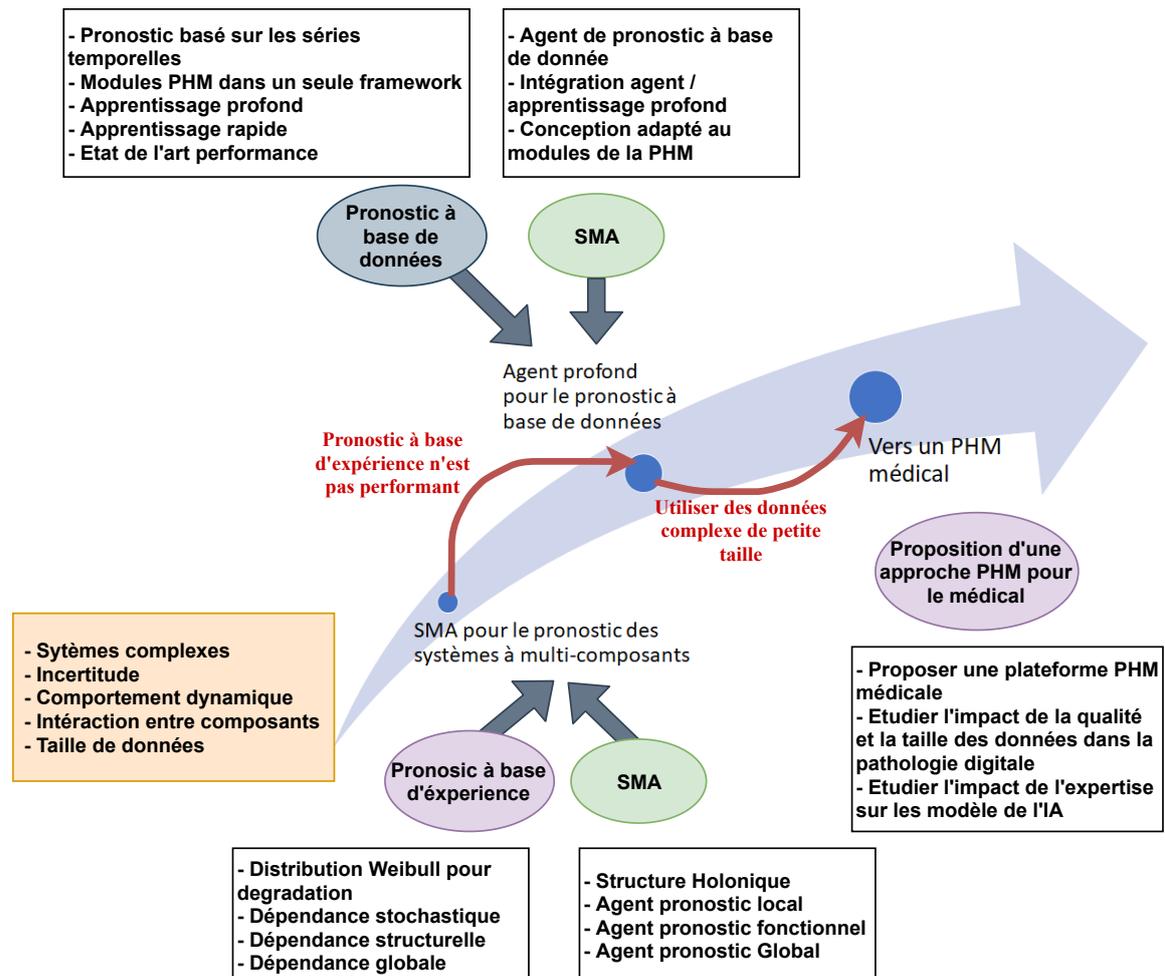


Fig. 1 Résumé graphique.

Ces hypothèses sont les postulats fondamentaux de la plupart des travaux dans ce domaine et sont à la base des notions définissantes si un système peut être pronostiqué, donc pronosticable ou non.

Organisation de la thèse

La structure du manuscrit de thèse est organisée comme suit :

Le chapitre 1, prognostic de défaillance, donne un aperçu du PHM framework et du rôle de chaque processus. Il présente ensuite une étude détaillée dans le contexte de la PHM, y compris une comparaison complète entre les approches. Les défis dans le domaine de la PHM sont mis en évidence pour justifier la nécessité d'une solution distribuée basée sur la SMA.

Le chapitre 2, Pronostic des systèmes complexes avec une dépendance stochastique à base d'agents, présente la proposition d'une approche pronostique basée sur l'agent holonique. Par conséquent, différents types de dépendances sont inclus pour estimer la durée de vie utile restante (RUL) au niveau du système. L'approche proposée est appliquée à un système théorique tiré de la littérature.

Le pronostic basé sur l'expérience abordé au chapitre 1 ne convient pas à tous les systèmes, et en effet, les capteurs intelligents sont bien déployés dans les systèmes. **Le chapitre 3, DeepAgent: un agent de pronostic local à base de données**, étudie le croisement de la technologie des agents avec les récents progrès des solutions d'apprentissage approfondi pour le pronostic basé sur les données. Un réseau convolutionnel unidimensionnel est introduit pour prédire la RUL en utilisant des données de séries temporelles avec de grandes performances et un temps court. Une étude de cas de l'ensemble de données de la NASA sur les turboréacteurs est utilisée pour la validation.

Le chapitre 4, Vers le PHM Medical, introduit, pour la première fois, la notion de PHM médical (MPH-M). L'intégration de l'intelligence artificielle dans le domaine médical augmente la complexité des données, d'où la nécessité d'un framework pour aider les médecins dans leur prise de décision. Le chapitre définit la MPH-M dans le domaine de la pathologie digitale. En effet, les solutions de pronostic fondées sur des données sont bien développées dans la littérature de la PHM. Cependant, la qualité et la taille des données ne sont pas toujours garanties. Le domaine médical est un excellent exemple de données complexes et hétérogènes.

Le chapitre 5, Qualité des données dans la pathologie digitale, présente les principaux défis dans le domaine de la pathologie digitale. La qualité des données et l'impact du marquage des données sont bien abordés. Une nouvelle approche est proposée pour traiter l'impact des données sur le développement de nouvelles solutions d'intelligence artificielle.

Le chapitre 6, Une approche automatique basée sur l'apprentissage approfondi pour l'évaluation de l'indice Ki-67 pour le pronostic du cancer du sein, présente une approche d'apprentissage profond automatisé pour l'évaluation de l'indice Ki-67 pour le pronostic du cancer du sein. La solution est développée sur la base d'un réseau de neurones convolutifs pour la détection et la quantification des cellules. La solution proposée est appliquée à une étude de cas réel de pathologie digitale.

Chapitre 1

Pronostic de défaillance

Résumé

De nos jours, les systèmes industriels sont de plus en plus complexes (tels que les avions, les centrales électriques, etc.) et se composent de plusieurs éléments interdépendants et s'influençant mutuellement. Ainsi, le pronostic au niveau du système devient le niveau le plus approprié pour prédire le comportement futur du système et déterminer son temps avant la défaillance. Toutefois, en raison de la complexité des systèmes d'ingénierie à grande échelle, les études de pronostic ont été limitées au niveau des composants. Cependant, les résultats de ces méthodes de pronostic peuvent être utiles aux gestionnaires de systèmes, aux opérateurs ou au personnel de maintenance, à condition qu'ils les aident à prendre des décisions, qui sont généralement basées sur des paramètres au niveau du système. Il est donc nécessaire de mettre au point des méthodes d'évaluation de la santé au niveau du système.

1.1 Introduction

Ce chapitre passe en revue une partie de la littérature et présente quelques concepts introductifs pertinents pour les travaux présentés dans cette thèse. Il donne un aperçu des différentes stratégies de maintenance, décrit les différents aspects des pronostics et la gestion de la santé (PHM) et couvre les dépendances dans les systèmes à composantes multiples, en abordant plus en profondeur le sujet de la dépendance stochastique. En outre, ce chapitre comprend une analyse bibliographique approfondie sur les différentes approches de pronostic, car il s'agit d'un aspect intégral de la PHM. Les notions d'agent et système multi-agent sont introduites, et les avantages de leurs application pour le pronostic global sont exposés en détail.

1.2 Stratégies de maintenance

Les défaillances sont indésirables et ont des conséquences sur la sécurité et l'environnement. Il est donc vital pour l'industrie d'atteindre un niveau élevé de fiabilité et de disponibilité. Néanmoins, toutes les machines finiront par se dégrader. En outre, il est difficile d'anticiper toutes les variables environnementales de ces systèmes une fois qu'ils sont mis en service, car leur comportement nominal de dégradation est très aléatoire. La maintenance sert donc à renforcer la fiabilité des systèmes et à prévenir les défaillances imprévues qui pourraient entraîner des temps d'arrêt et des pertes économiques, voire des situations dangereuses où la sécurité des opérateurs ou du public peut être mise en danger.

La planification de la maintenance a évolué en trois étapes Fraser et al. [7] : la maintenance corrective, la maintenance systématique, et la maintenance conditionnelle; c'est là que la PHM est prise en compte. Une schématisation des différents types de la maintenance la figure 1.1.

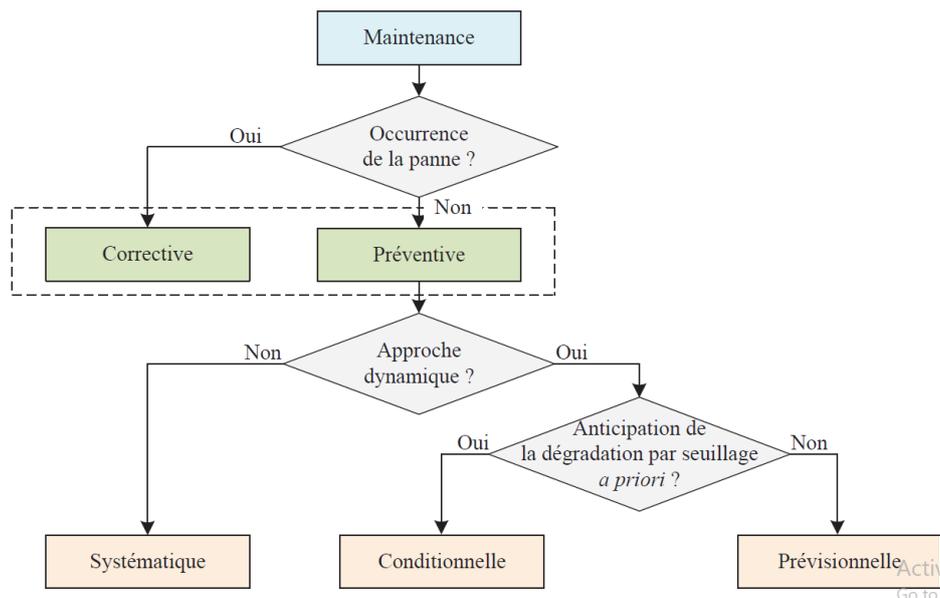


Fig. 1.1 Classifications des types de maintenance.

1.2.1 Maintenance corrective

Maintenance corrective: Il s'agit de la première forme de maintenance et, comme son nom l'indique, la machine est utilisée jusqu'à ce qu'il y ait une panne. Par conséquent, la maintenance est effectuée après qu'une panne est déjà survenue. C'est pourquoi cette stratégie est considérée comme passive. Et bien que cette approche puisse avoir les avantages

d'une politique à faible coût et qu'elle nécessite une gestion minimale; des inconvénients peuvent facilement l'emporter sur les avantages. Par exemple, il pourrait en résulter des temps d'arrêt importants et des pertes économiques considérables, et endommager gravement les composants sains du système. Dans certains cas, les défaillances peuvent même causer de graves dommages au milieu environnant, compromettant ainsi la sécurité.

1.2.2 Maintenance préventive

La maintenance préventive est la maintenance exécutée à des intervalles prédéterminés ou selon des critères prescrits et destinée à réduire la probabilité de défaillance ou la dégradation du fonctionnement d'un bien (AFNOR, 2001).

La maintenance préventive consiste à programmer les interventions de maintenance pour éviter les défaillances et les arrêts de production. Elle englobe donc toutes les actions effectuées avant l'apparition de la panne et se base sur des inspections périodiques afin de réduire les risques de son occurrence. La maintenance préventive se divise en trois sous-groupes : maintenance systématique, maintenance conditionnelle et maintenance prévisionnelle.

Maintenance systématique

La maintenance systématique est la maintenance préventive exécutée à des intervalles de temps préétablis ou selon un nombre défini d'unités d'usage mais sans contrôle préalable de l'état du bien. (AFNOR, 2001).

Avec cette politique de maintenance, les opérations sont effectuées selon une planification préétablie. Les périodes entre deux interventions sont spécifiées soit par un intervalle de temps, soit par des cycles de fonctionnement. L'objectif est uniquement de déterminer la meilleure périodicité possible des interventions afin d'optimiser les critères préétablis. Ce type d'entretien, très simple à mettre en place, présente un intérêt lorsque le suivi de l'entité est impossible ou génère des coûts supérieurs aux revenus attendus.

Maintenance conditionnelle

La maintenance conditionnelle correspond à la maintenance préventive basée sur une surveillance du fonctionnement du bien et/ou des paramètres significatifs de ce fonctionnement intégrant les actions qui en découlent (AFNOR, 2001).

Cette politique de maintenance est soumise à l'apparition de paramètres spécifiques indiquant la détérioration ou la baisse des performances de l'entité en question. Les données collectées ou mesurées sont comparées à un seuil prédéterminé, également appelé seuil de

décision - le franchissement de ce seuil fonctionne comme une alerte qui déclenche une intervention de maintenance.

Maintenance prévisionnelle

La maintenance prévisionnelle est une maintenance conditionnelle exécutée en suivant les prévisions extrapolées de l'analyse et de l'évaluation de paramètres significatifs de la dégradation du bien (AFNOR, 2001).

Il convient de noter que cette maintenance prédictive tient également compte des conditions d'utilisation et de l'environnement futurs du système. Contrairement à la maintenance conditionnelle, elle associe une prévision sur les indicateurs de santé pour la prise de décision en matière de maintenance. Pour envisager la mise en œuvre de cette maintenance prédictive, il est nécessaire de contrôler en détail le comportement de l'entité. L'utilisation de cette connaissance permet d'anticiper et de prévoir au mieux le moment où l'intervention doit être exécutée.

1.3 Pronostic et gestion de la santé d'un système (PHM)

La PHM fait l'objet d'une attention considérable de la part de la communauté de la maintenance ces derniers temps Sandborn and Wilkinson [8]. Elle est reconnue comme un élément clé de la Condition Based Maintenance CBM (CBM reference). Selon Uckun et al. [9], elle peut être décrite comme une discipline d'ingénierie émergente qui étudie et associe les processus de dégradation à la gestion du cycle de vie des systèmes. Les disciplines de la PHM et de la CBM partagent de nombreuses similitudes. Une tentative de rapprochement de ces disciplines est décrite dans Tinga and Loendersloot [10], où la première approche de surveillance appropriée est adoptée. Celle-ci est ensuite utilisée pour soutenir une prise de décision optimale en matière de maintenance tout au long du cycle de vie d'un actif. La PHM met beaucoup l'accent sur l'étape du pronostic qui est essentielle pour prendre des décisions de maintenance optimales.

Le développement de la PHM a été initialement mené par les industries aérospatiale et de défense. Récemment, un grand nombre de recherches ont été publiées sur la PHM. Cela montre qu'elle est maintenant appliquée à des industries diverses telles que l'aérospatiale, le nucléaire, l'éolien, l'énergie, les infrastructures civiles, l'industrie manufacturière et l'électronique Sandborn and Wilkinson [8].

La PHM se compose de trois éléments principaux : l'extraction des indicateurs de santé ; diagnostics et pronostics ; et la prise de décision en matière de maintien. Figure. 1.2 mets en évidence ces trois éléments ainsi leurs sous-éléments.

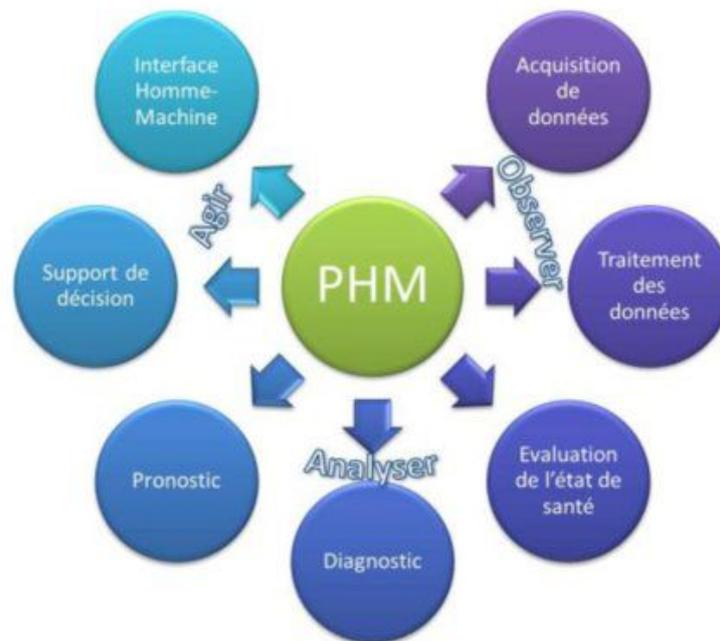


Fig. 1.2 Processus PHM

- **L'acquisition des données:** L'acquisition de données est une étape initiale et essentielle de la PHM qui est connue comme étant un processus de collecte et de stockage de données d'un composant ou d'un système physique pour mettre en place des diagnostics et des pronostics supplémentaires.
- **Le traitement des données:** Le traitement des données implique des étapes de nettoyage et d'analyse des données. Le nettoyage des erreurs/bruits des données brutes augmente les chances d'obtenir des données sans erreur pour des enquêtes ultérieures. L'analyse des données, qui est la deuxième étape du traitement des données, comprend l'extraction des caractéristiques, l'évaluation des caractéristiques et les processus de sélection.
- **L'évaluation de l'état de santé:** Il existe de nombreux facteurs qui provoquent la dégradation des composants du système au fil du temps, en perdant leurs performances initiales, et qui doivent donc être pris en compte dans la modélisation de la détection. L'évaluation de l'état de santé est le processus de détection et de reconnaissance des défaillances et/ou anomalies naissantes à partir des données de surveillance de l'état de santé. La détection des défaillances est généralement basée sur la quantification des

incohérences entre le comportement réel et le comportement attendu du système dans des conditions nominales.

- **Le diagnostic:** Le diagnostic de défaillance est un processus de détection des défauts, d'isolation (c'est-à-dire quel composant est défaillant), d'identification du mode de défaillance (c'est-à-dire quelle est la cause de la défaillance ou du défaut) et d'évaluation du niveau de dégradation (c'est-à-dire la quantification de la gravité de la défaillance) dans le cadre de la surveillance des conditions. Les diagnostics peuvent être effectués lorsqu'une machine est soit en état de défaillance incomplète, soit en état de panne. Les résultats des diagnostics peuvent être utilisés pour une prise de décision réactive ou proactive.
- **Le pronostic:** Le pronostic permet de prédire l'état futur du composant surveillé et d'estimer la durée de vie résiduelle restante des composants (Remaining Useful Life; RUL).
- **L'aide à la décision:** Sa principale fonction est de recommander des actions de contrôle et de maintien pour maintenir le fonctionnement jusqu'à l'achèvement de la mission requise. Ce module est basé sur l'ensemble des informations obtenues (état actuel du système, RUL, connaissance du contexte, ...).
- **L'interface homme-machine :** Ce module reçoit les informations des phases précédentes pour s'adapter à la présentation aux acteurs de la maintenance.

1.4 Pronostic de défaillance

1.4.1 Définition



Fig. 1.3 RUL: date limite de consommation Khelif [1]

De nombreuses définitions du terme "pronostics" ont été proposées dans la littérature. Cependant, bien qu'il n'y ait pas de consensus total, les pronostics peuvent être définis comme proposé par le comité ISO :

Norme ISO 13381 (2004). L'objectif des pronostics est "l'estimation du temps avant défaillance et du risque pour un ou plusieurs modes de défaillance existants et futurs" [ISO 04] (Fig.1.3).

Nous pouvons mettre en évidence un élément clé. Le concept même de défaillance implique que les pronostics doivent être basés sur des critères d'évaluation, dont les limites dépendent du système contrôlé et des objectifs de performance. En d'autres termes, les pronostics impliquent non seulement que nous devrions être capables de projeter dans l'avenir le comportement d'un système, mais aussi que nous devrions être capables d'identifier l'état de santé à chaque instant, en tenant compte des critères de mission choisis Gouriveau et al. [11].

De même que la prévision, qui consiste à analyser les données passées et actuelles disponibles afin de prévoir les tendances futures, le pronostic suit le même processus, mais au lieu de se contenter de projeter les tendances dans le futur, il s'agit davantage de prévoir le moment de la fin de vie où un seuil d'échec spécifique est atteint, et donc d'extraire l'estimation de la RUL comme indiqué à l'équation 1.1.

$$RUL_k = t_{eol} - t_k \quad (1.1)$$

où RUL_k représente la durée de vie résiduelle restante à un moment t_k , et t_{eol} désigne la fin de vie prévue.

La figure 1.4 illustre cette situation, où au moment $t = k$, une tentative de prédiction de la fin de vie est effectuée. Comme la fin de vie est incertaine, elle est généralement représentée par une fonction de densité de probabilité (PDF), et par conséquent, la RUL l'est également.

L'estimation des RUL porte sur une question courante dans l'industrie : combien de temps elle peut fonctionner avant d'atteindre un certain seuil de défaillance. Ensuite, sur la base de l'estimation du RUL, des mesures appropriées peuvent être prises. Il s'agit donc du temps restant à la maintenance à partir du moment actuel. En outre, lorsque l'on consulte la littérature, on s'intéresse généralement davantage à la RUL qu'à la fin de vie ; cependant, comme le suggère l'équation 1.1, ces termes sont fortement liés. En outre, la limite inférieure d'un intervalle de confiance de la RUL est généralement considérée comme étant prudente Kim et al. [12].

La norme ISO 13381-1 [ISO, 2004] d'autre part définit trois niveaux de pronostics :

- Pronostic de mode de défaillance existant. (Niveau 1): fournit une estimation de la durée de vie restante des composants/systèmes en fonction de la progression de chaque mode de défaillance diagnostiqué.

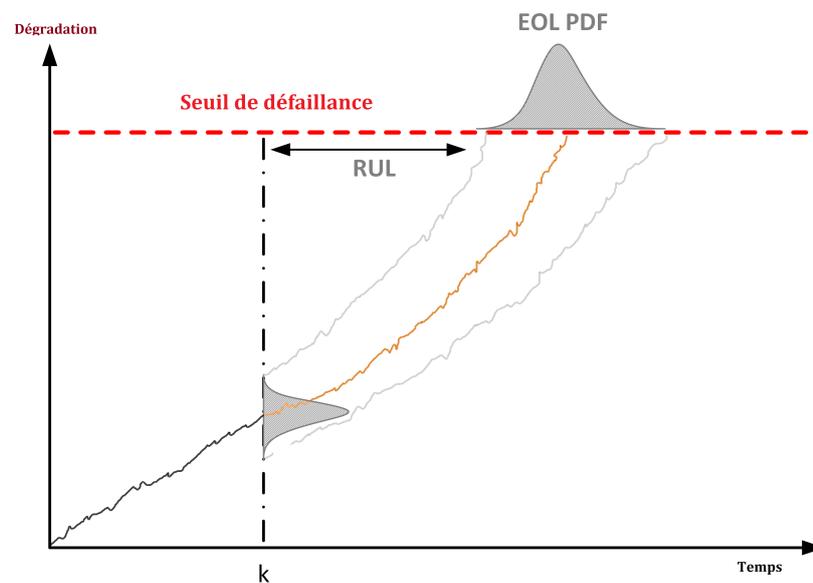


Fig. 1.4 Evolution de la dégradation jusqu'à un seuil de défaillance. Différence entre RUL et EOL.

- Pronostic de future mode de défaillance. (Niveau 2): évalue les effets possibles du mode de défaillance identifié sur les autres modes et modélise la progression possible de chaque dégradation potentielle afin d'estimer le pire cas pour les composants/systèmes affectés. Par conséquent, des modèles décrivant les interactions des modes de défaillance doivent être élaborés à ce niveau.
- Pronostic de poste action. (Niveau 3): évalue l'impact des actions de maintenance sur les modèles mentionnés ci-dessus Sikorska et al. [13].

1.4.2 Classification des approches de pronostic

Il est peu pratique pour les utilisateurs potentiels de l'industrie d'évaluer séparément chaque variante de modèle spécifique. C'est pourquoi un système de regroupement et de classification est nécessaire pour que des variantes de modèles similaires puissent être discutées collectivement. Malheureusement, il n'y a pas vraiment de consensus parmi les examinateurs du domaine des pronostics quant aux classifications les plus appropriées pour le regroupement des modèles de prévision de la RUL.

Malheureusement, les approches les plus courantes ne sont pas suffisamment détaillées pour servir de base à une méthodologie de sélection des modèles. En même temps, le schéma le plus granulaire de la norme ISO13381-1 comprend des modèles utilisés pour

répondre à d'autres exigences de pronostic. Cette norme ISO n'énumère pas non plus les types spécifiques de modèles ou de méthodes qui seraient attribués à chaque groupe

Comme il existe une variété d'approches proposées, nous adoptons la classification la plus appropriée à ce travail proposé dans Sikorska et al. [13]. Une approche de classification modifiée est proposée, qui est spécifiquement conçue pour la prévision de la durée de vie restante, et qui classe les modèles en quatre groupes principaux et un nombre variable de sous-groupes Fig.1.5:

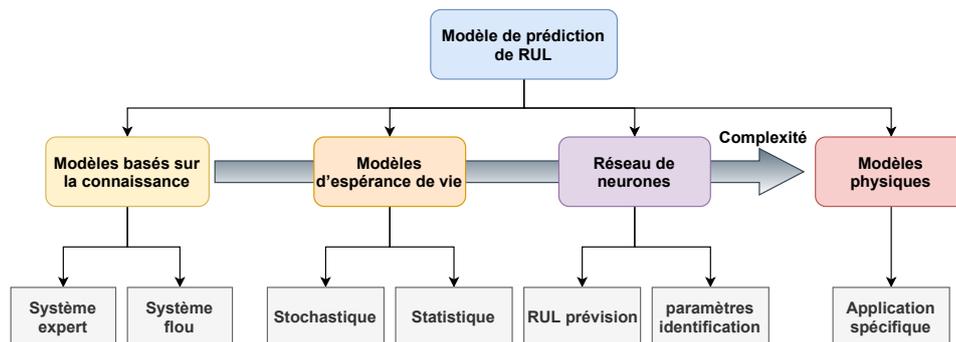


Fig. 1.5 Classification des approches de pronostic.

Modèles basés sur la connaissance

Les modèles basés sur la connaissance évaluent la similitude entre une situation observée et une banque de données de défaillances préalablement définies et déduisent l'espérance de vie à partir d'événements antérieurs.

- **Systèmes experts:** Un système expert est un logiciel (ou un ensemble de programmes) qui simule les performances d'experts humains dans un domaine particulier. Il se compose généralement d'une base de connaissances contenant l'expérience accumulée par les experts dans le domaine et d'une base de règles permettant d'appliquer ces connaissances à des problèmes particuliers connus du système logiciel. Les règles sont formulées sous forme de déclarations précises IF-THEN ; elles sont souvent basées sur des faits heuristiques acquis par un ou plusieurs experts sur un certain nombre d'années. Pour être utile, une base de connaissances doit être aussi complète et exacte que possible [12]. En d'autres termes, chaque ensemble d'entrées ne doit fournir qu'une seule sortie, et une sortie doit être fournie pour toute combinaison possible de valeurs d'entrée.
- **Systèmes flous:** Dans la logique classique des prédicats utilisée par les systèmes experts, une déclaration peut être vraie ou fautive ; les données peuvent donc être incluses

ou exclues d'un ensemble. Toutefois, il n'est pas toujours possible de définir les ensembles et les membres associés avec autant de précision. La théorie des ensembles flous comble cette lacune en permettant une appartenance partielle à un ensemble en fonction du "degré de vérité" d'une variable. Comme dans les systèmes experts, les systèmes à logique floue utilisent des règles simples, dérivées empiriquement, SI-ALORS, pour résoudre les problèmes. Ces règles sont descriptives, mais contrairement aux systèmes experts, elles sont intentionnellement imprécises. Une déclaration typique de logique floue peut ressembler à "SI (le processus est trop chaud) ET (le processus chauffe rapidement) ALORS (refroidir le processus rapidement)".

Les modèles de logique floue sont plus efficaces lorsqu'une ou plusieurs des variables d'entrée sont continues, qu'un modèle mathématique n'est pas disponible ou ne peut être mis en œuvre, et que les données contiennent des niveaux de bruit élevés. Ils peuvent également fournir des résultats avec des données incomplètes ou inexacts, comme c'est souvent le cas dans la pratique. En outre, ils peuvent expliquer leur raisonnement et, en ayant moins de règles, sont plus simples à adapter que les systèmes experts. Malheureusement, ils dépendent de la disponibilité d'un expert approprié pour spécifier les règles qui sous-tendent le comportement du système et développer les ensembles flous représentant les caractéristiques de chaque variable.

Modèles d'espérance de vie

Les modèles d'espérance de vie définissent la durée de vie utile restante des différents composants de la machine par rapport au risque de détérioration attendu dans des conditions de fonctionnement connues.

- **Modèles stochastiques:** Les modèles stochastiques fournissent des informations liées à la fiabilité, telles que le temps moyen avant défaillance (MTTF), en tant que probabilités de défaillance par rapport au temps. Ils sont basés sur l'hypothèse que les temps de défaillance de composants identiques peuvent être considérés comme des variables aléatoires statistiquement identiques et indépendantes et donc être décrits par une fonction de densité de probabilité. Dans les populations où les défaillances sont relativement rares, les estimations de fiabilité peuvent être trop pessimistes. La précision des estimations de la MTTF peut être améliorée en incluant des données censurées (moments où la défaillance ne s'est pas produite) dans l'analyse Jardine and Tsang [14], bien que, dans les petits ensembles de données, où les censures se produisent tôt dans la vie, cela puisse introduire d'autres erreurs Heng et al. [15]. Dans

l'application la plus simple, le RUL est égal au temps restant avant qu'un nombre critique de défaillances (par exemple, 5%) ne se produisent.

- **Modèles statistiques:** Des modèles statistiques estiment l'initiation et la progression des dommages en fonction des résultats d'inspections précédentes sur des machines similaires. La prévision de la détérioration future est souvent effectuée en comparant ces résultats avec des modèles représentant un "bon" comportement. Ils sont souvent utilisés comme alternative aux réseaux de neurones artificiels lorsqu'un modèle dynamique approprié du processus physique n'est pas disponible. Ils utilisent généralement des données temporelles telles que les résultats de la surveillance d'un état ou d'un processus et sont souvent classés dans la catégorie des modèles "pilotes par les données".

Réseaux neuronaux artificiels

Les réseaux neuronaux artificiels calculent une sortie estimée pour la durée de vie utile restante d'un composant/machine, directement ou indirectement, à partir d'une représentation mathématique du composant/système dérivée de données d'observation plutôt que d'une compréhension physique des processus de défaillance. Ils sont pratiques et efficaces pour modéliser des systèmes non linéaires complexes et peuvent généraliser et adapter des solutions à partir d'un ensemble limité de données. Plusieurs types de données différents peuvent être utilisés comme entrées de réseau, notamment les variables de processus, les indicateurs de surveillance de l'état, les caractéristiques des actifs (par exemple, l'âge, les heures de fonctionnement) et les caractéristiques de l'historique de maintenance. Les résultats dépendent de l'objectif du processus de modélisation, tel que l'action de maintenance souhaitée ou la durée de vie utile restante.

Les réseaux sont constitués d'éléments de traitement simples, également appelés nœuds, neurones ou unités, reliés en couches. Un réseau neuronal typique se compose d'une couche d'entrée unique, d'une ou plusieurs couches cachées et d'une couche de sortie, chacune comprenant un ou plusieurs nœuds. Les connexions (également appelées synapses) entre les nœuds des couches adjacentes sont pondérées. Une fonction d'activation est associée à chaque nœud qui définit si et comment les informations sont transmises aux nœuds suivants. Les valeurs calculées de la fonction d'activation de chaque nœud sont ensuite utilisées comme entrées pour tous les nœuds suivants. La même fonction d'activation est généralement utilisée pour tous les nœuds d'une couche (voir Figure.1.6)

Le plus grand problème de l'application de la plupart des réseaux neuronaux pour la prédiction des RUL est qu'ils ne fournissent pas naturellement de limites de confiance pour

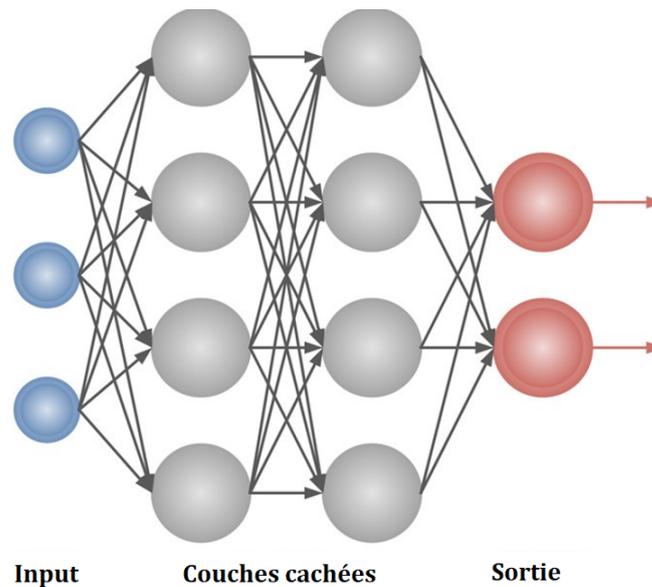


Fig. 1.6 Réseau de neurones (feed-forward).

leurs prédictions. L'incertitude provient généralement du bruit des données et d'une mauvaise spécification des paramètres du modèle [149]. Une série de techniques ont été proposées pour estimer l'erreur probable d'une prédiction de régression ou de classification de réseau [141,149-151], bien que ces techniques augmentent généralement le temps de traitement de manière significative et aboutissent souvent à des limites de confiance trop grandes ou trop petites Papadopoulos et al. [16].

Le principal avantage de l'utilisation des réseaux de neurones pour le pronostic est que des systèmes complexes, multidimensionnels et non linéaires peuvent être modélisés sans que l'on comprenne physiquement le comportement du système. Les modèles peuvent faciliter l'utilisation de n'importe quel type de données d'entrée et peuvent combiner des types de données d'entrée très différents (par exemple, lectures de capteurs, inférences floues, entrées de l'utilisateur). Il existe également un grand nombre de logiciels conviviaux pour le développement de réseaux neuronaux. En fait, la plupart des systèmes de modélisation pronostique disponibles dans le commerce utilisent les réseaux de neurones pour la prévision de la durée de vie utile restante. L'inconvénient est que les réseaux neuronaux ont une incapacité inhérente à s'expliquer. Par conséquent, la mise en correspondance manuelle des sorties de modèle avec les phénomènes physiques est fondamentale pour la réussite de la mise en œuvre d'un modèle dans des applications pratiques (par exemple, la planification de la maintenance).

Modèles physiques

Les modèles physiques (également connus sous le nom de physique des défaillances ou modèles comportementaux) caractérisent quantitativement le comportement d'un mode de défaillance en utilisant des lois physiques (c'est-à-dire à partir de principes premiers). Cela implique une compréhension approfondie du comportement du système en réponse au stress à des niveaux macroscopiques et microscopiques. En outre, cela suppose que ce comportement peut être décrit de manière précise et analytique. Les modèles physiques estiment la production pour la durée de vie utile restante d'un composant/machine en résolvant une équation déterministe ou un ensemble d'équations dérivées de données empiriques étendues. Certaines de ces données auront été converties en connaissances scientifiques et techniques communes, tandis que d'autres données doivent être acquises par des expériences spécifiques en laboratoire ou sur le terrain. En règle générale, la dérivation de modèles physiques pour un système particulier implique l'identification d'un ou plusieurs paramètres spécifiques à ce système (par exemple, propriétés physiques exactes, taux de corrosion, constantes des équations). Les modèles comportementaux sont généralement décrits à l'aide d'une série d'équations dynamiques ordinaires ou différentielles partielles qui peuvent ensuite être résolues par la dynamique Lagrangienne ou Hamiltonienne, des méthodes d'approximation appliquées aux équations différentielles partielles, des modèles distribués et d'autres techniques [4]. Les modèles physiques peuvent également être décrits à l'aide de méthodes d'espace d'état (c'est-à-dire sans équations différentielles) et résolus en conséquence. Des méthodes de simulation ont également été utilisées Roemer and Kacprzyński [17]. Une fois qu'un modèle physique est disponible, les mesures des capteurs du processus réel sont comparées aux sorties du modèle. Les différences entre la réalité et le modèle sont appelées résidus ; les résidus importants sont supposés indiquer un défaut tandis que les petits résidus se produisent dans des conditions normales, du bruit et des erreurs de modélisation [5]. Des seuils peuvent être définis pour identifier la présence et/ou l'état des défauts ou des résidus utilisés comme entrées dans d'autres modèles. Les résidus sont calculés en utilisant l'estimation des paramètres, les méthodes de l'espace d'état ou les équations de parité ; les avantages de chacun sont examinés dans Isermann [18].

1.5 Pronostic de systèmes multi-composants

De nombreuses définitions sont proposées dans la littérature pour les systèmes multi-composants ou même les systèmes complexes. Un système complexe est un ensemble structuré d'équipements hétérogènes indépendants qui sont connectés et communiquent entre eux dans le but d'assurer une fonction Ribot [19]. Une autre définition du système complexe le considère un multiples

d'entités ayant différentes propriétés, reliées entre elles de manière organisée, formant des structures différentes, chacune avec une fonction spécifique mais toutes avec un objectif commun assimilé à une fonction globale selon des critères prédéfinis de performance, de fiabilité et de sécurité Murthy and Krishnamurthy [20].

En fait, le pronostic des systèmes complexes diffère de celui d'un système à un composant, il nécessite une compréhension complète des interactions entre les composants et leur négligence conduit à un pronostic inefficace Vogl et al. [21]. En raison des différents types de dépendances, le pronostic global n'est pas toujours l'union des fonctions pronostiques locales. Pour traiter cette complexité, les algorithmes de pronostic développés doivent être capables de fonctionner dans un système de gestion de la santé autonome et en temps réel. La nature distribuée du système de gestion de la santé devrait permettre à la fonction pronostique au niveau système de bénéficier de la visibilité des technologies pronostiques locales mises en œuvre dans les sous-systèmes et au niveau des composants González et al. [22]. Cependant, de nombreuses études traitent le pronostic d'un système à un seul composant Si et al. [23], et très peu de publications peuvent être trouvées dans la littérature du pronostic au niveau du système. Des études précédentes ont déjà suggéré que les approches distribuées peuvent gérer la complexité en divisant le système global en entités locales Daoutidis et al. [24]. Au cours de la dernière décennie, le pronostic distribué a retenu l'attention et plusieurs approches sont proposées Ribot et al. [25], Saha et al. [26]. L'architecture distribuée permet la mise en œuvre de la fonction pronostique plus proche des composants, des fonctions ou des sous-systèmes. Les systèmes multi-agents (SMA), l'une des solutions essentielles de l'intelligence artificielle distribuée, font l'objet d'une attention accrue depuis quelques décennies. Les SMAs s'adaptent bien aux problèmes de grande complexité et d'hétérogénéité. Plus de détails sur leur application pour le pronostic global peuvent être trouvés dans les prochaines sections.

1.6 Système Multi-Agents

Les systèmes Multi-Agents (SMA), comme leur nom l'indique, sont des systèmes constitués de plusieurs agents. Dans cette section, nous examinerons chaque idée qui se rapporte au concept d'agent et qui vous permet de définir l'agent. Nous allons comprendre ce qu'est un agent, puis un agent intelligent, et ses différences par rapport à un simple agent. Ensuite, nous allons voir leurs caractéristiques, c'est-à-dire leurs perceptions, leurs comportements, les mesures de leurs performances, mais aussi la rationalité, les objectifs, l'autonomie, le raisonnement et la communication.

1.6.1 Le concept d'agent

Comme c'est très courant dans le domaine de l'intelligence artificielle, il n'existe pas de définition standard d'un agent. Au contraire, il semble que presque toutes les grandes recherches et enquêtes produisent encore une autre définition. Dans un souci d'exhaustivité, certaines des définitions de l'agent sont présentées ci-dessous.

Selon Ferber Ferber [27] « un agent est une entité autonome, réelle ou abstraite, qui est capable d'agir sur elle-même et sur son environnement et qui, dans un univers multi-agents, peut communiquer avec d'autres agents, et dont le comportement est la conséquence de ses observations, de ses connaissances et des interactions avec les autres agents ». Il le définit aussi comme étant « une entité physique ou virtuelle évoluant dans un environnement dont il n'a qu'une représentation partielle et sur lequel il peut agir. Un agent est capable de communiquer avec d'autres agents et est doté d'un comportement autonome. Un agent possède généralement des accointances qui sont l'ensemble des agents avec lesquels il communiquent ou bien interagit ». Selon Yves Demazeau Demazeau and Costa [28], « un agent est une entité réelle ou virtuelle dont le comportement est autonome, évoluant dans un environnement qu'il est capable de percevoir et sur lequel il est capable d'agir et d'interagir avec les autres agents ». Selon la définition de Wooldridge and Jennings [29], un agent est purement limité à une entité informatique, et présente les caractéristiques suivantes :

Autonomie : Un agent a ses propres croyances, plans et intentions et il peut accepter ou refuser une demande.

Interaction : Un agent interagit avec son environnement. L'agent peut modifier l'environnement par ses actions et l'environnement peut modifier les actions de l'agent.

Collaboration : Un agent doit être capable de collaborer avec d'autres agents afin de atteindre un objectif commun.

Apprentissage : Un agent doit avoir la capacité d'apprendre, sur la base d'une expérience antérieure de son interaction avec l'environnement. (Figure.1.7)

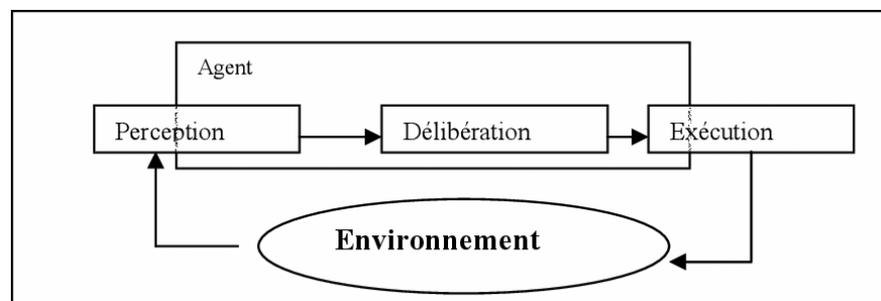


Fig. 1.7 Un agent dans son environnement.

Il est important de noter que certains des agents et architectures d'agents typiques ne présentent pas toutes les caractéristiques proposées. Parfois, l'architecture de l'agent ne présente pas toutes les caractéristiques de collaboration et d'apprentissage Brooks [30], tandis que les agents des architectures basées sur le comportement ne collaborent pas "consciemment" Mataric [31]. L'ensemble des caractéristiques proposées peut être considéré comme le résultat de l'évolution des caractéristiques souhaitées pour un agent et représente l'approche typique actuelle de l'agence. Les perspectives d'avoir une définition standard d'un agent sont aussi bonnes que celles d'une définition standard d'un système intelligent.

1.6.2 Système Multi-Agents

Les systèmes d'Intelligence Artificielle (IA) sont devenus complexes avec l'évolution des domaines d'application tels que l'aide à la décision, le contrôle des processus industriels, etc. En effet, l'approche classique de l'IA, qui considère le comportement intelligent du système dans un seul agent, a montré ses limites. En conséquence, l'Intelligence Artificielle Distribuée (IAD) a été développée pour proposer une nouvelle vision de la conception des systèmes et envisage la modélisation du raisonnement basé sur la distribution de la connaissance sur plusieurs entités.

Les SMAs font partie de l'IAD. Ils sont à la jonction de plusieurs domaines, notamment de l'intelligence artificielle, des systèmes informatiques distribués et du génie logiciel. L'idée de base est de répartir l'intelligence sur plusieurs agents où chaque agent est associé à un sous-problème ou à un sous-objectif. De la coordination des activités de ces agents émerge le but ou l'objectif initial (résoudre le problème). Dans ce type de système, un comportement global efficace peut également être produit par l'émergence du comportement local d'entités moins efficaces. Le concept de coopération est indispensable pour l'IAD, tout comme l'interaction entre les agents, qui se traduit par la communication et la négociation.

D'autres auteurs gardent la définition beaucoup plus simple : le SMA peut aussi être considérée comme une société d'agents Green et al. [32]

Les auteurs dans Wooldridge and Jennings [29] proposent une définition assez stricte des SMAs qui se fonde sur leurs caractéristiques suivantes :

- Chaque agent dispose des informations ou des capacités incomplètes pour résoudre le problème, ainsi chaque agent a un point de vue limité.
- Il n'y a pas de contrôle global du système.
- Les données sont décentralisées.
- Le calcul est asynchrone.

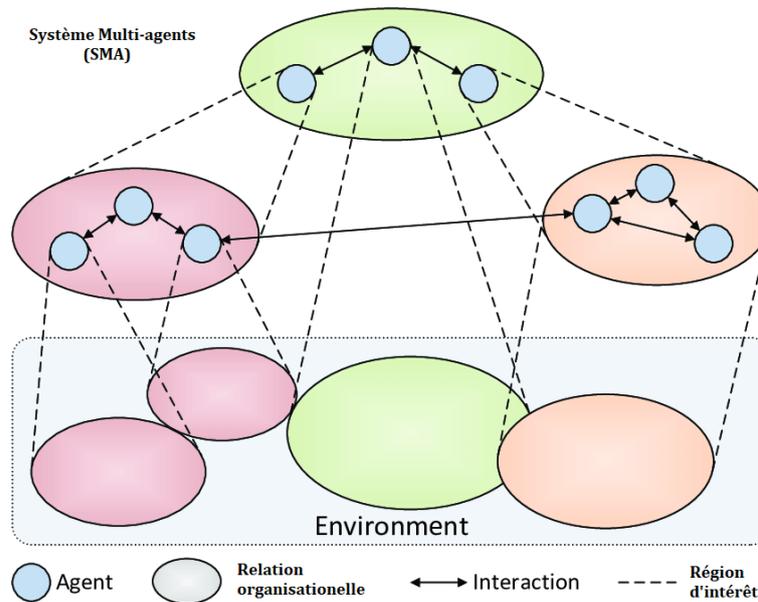


Fig. 1.8 Illustre un Système Multi-Agents avec un aspect d'organisation, interaction, et zone influence.

1.6.3 Pourquoi s'intéresser au Système Multi-Agents?

Il existe différentes approches pour modéliser la fonction du pronostic dans le cycle PHM. Dans le cadre de ce travail de recherche, l'approche du système multi-agents est utilisée Xie and Liu [33]. Les systèmes multi-agents sont particulièrement appropriés lorsqu'il s'agit de systèmes complexes. En effet, ils permettent de reproduire le fonctionnement global d'un système complexe à partir des entités qui le composent et de leurs interactions. Il s'agit d'un nouveau niveau d'abstraction qui permet d'exprimer une application en termes d'agents autonomes jouant des rôles et rendant des services dans une organisation. Le choix du SMA est justifié par les différentes raisons présentées ci-après :

Premièrement, en utilisant l'approche SMA, il est possible de modéliser les différentes étapes du PHM de l'acquisition vers la décision avec un degré de précision souhaité Feng et al. [34]. Comme il y a une communication entre les étapes impliqués dans le cycle PHM, l'approche de modélisation SMA peut imiter et faciliter la communication et la coopération entre les agents qui modélisent ces acteurs afin d'atteindre les objectifs identifiés Zhang and Li [35], Koning and Ling [36]. Ceci est décrit comme une capacité de "description naturelle du système" de l'approche SMA Bonabeau [37].

Deuxièmement, des agents dédiés peuvent être facilement interfacés avec les décideurs humains (superviseurs du système), ce qui facilite le processus d'interaction par le biais d'un système d'aide à la décision (SAD) Senechal and Trenteseaux [38]. En ce sens, une fois

que le SMA présenté est intégré dans un SAD, les agents modélisant différents acteurs (par exemple l'acquisition des données, diagnostic, pronostic, etc.) peuvent être modélisés pour interagir directement ou indirectement avec les décideurs humains.

Troisièmement, les agents intelligents, en ce qui concerne les théories basées sur les agents et les systèmes multi-agents, devraient présenter divers degrés de sens cognitif ; ils sont donc réactifs par nature Koning and Ling [36]. Ce sens peut faciliter la satisfaction de certains des objectifs tels que l'interaction de la dégradation entre différents composants, ou la post-décision lors de la planification de la maintenance du système.

Enfin, dans la conception des MAS, on peut refléter la réalité où les agents, comme une sorte de jumeau numérique, reflètent le comportement de chacun des composants du système Kritzinger et al. [39]. Cela permet, lors de simulations ou lors de l'exploitation réelle des composants supervisés, de soutenir la capacité des agents à être intelligents. Il est également utile, par exemple, dans la simulation de l'ensemble du système pour tester l'effet de la dépendance de la dégradation entre composants sur le pronostic global du système. En outre, il facilite la mise en miroir du même composant de son exploitation réelle pour organiser l'acquisition des données et la surveillance de son état de santé en temps réel Dievart et al. [40].

Malgré la pertinence de l'approche SMA pour la modélisation de la fonction pronostique et du problème de prise de décision qui s'y rapporte, la première présente certaines limites. Cependant, comme le SMA est un domaine relativement récent, ces limitations et inconvénients peuvent être considérés comme temporaires en tant que nouveaux domaines de recherche dans le SMA. Ces limitations et les moyens possibles de les atténuer sont décrits ci-après:

Les SMAs sont souvent considérées comme une sorte d'approche heuristique Paletta and Herrero [41], la principale cause de préoccupation est la précision des solutions atteintes par les agents en ce qui concerne les décisions soit de pronostic ou post-pronostic.

Les SMA sont également des systèmes très spécifiques à un domaine. Les modèles SMA doivent être construits au bon niveau de description. Il est donc difficile d'avoir des modèles à usage général dans les SMAs.

Une autre limitation concerne le manque de plateformes générales et efficaces pour le développement des SMA. De telles plateformes définiront des aspects importants du développement des SMA tels que les normes de signature, les protocoles, le langage de programmation et les moyens d'évaluation. Pour relever ce défi, des efforts ont été faits pour développer des normes telles que la fondation pour les agents intelligents (FIPA) Poslad [42], qui supervise les normes pour les agents hétérogènes et les agents interactifs, et certaines

plateformes pour le développement des SMA telles que JADE Bellifemine et al. [43], et NetLogo Tissue and Wilensky [44].

1.7 Conclusion

La mise en place d'un système de maintenance efficace augmente la disponibilité et la sécurité des équipements tout en réduisant les coûts de maintenance. Par conséquent, l'accent a été mis sur le développement d'une stratégie de maintenance efficace appelée PHM, dont l'état de l'art a été présenté dans ce chapitre. Parmi les modules PHM, une attention particulière a été accordée au pronostic.

Le pronostic aujourd'hui est confronté à plusieurs défis parmi lesquels : la complexité des systèmes, la non-linéarité des données et le seuil de défaillance. Dans les systèmes complexes, l'hétérogénéité des composants et les connaissances disponibles sur chaque composant font que les méthodes de pronostic peuvent être déployées différemment d'un composant à l'autre, mais sont néanmoins nécessaires pour surveiller et analyser l'état de santé de chaque composant afin de permettre une meilleure gestion de la maintenance préventive basée sur l'état.

Il est également nécessaire d'examiner comment le système complexe est construit, ce qui peut se traduire par les relations entre ses différentes entités. Ces relations doivent permettre de faire des déductions à partir des indicateurs de santé pour définir cette capacité et les maintenances des composants les plus pertinents. Cette modélisation et le pronostic global de ces systèmes fait l'objet de chapitre suivant.

Chapitre 2

Pronostic des systèmes complexes avec une dépendance stochastique à base d'agents

Résumé

Les systèmes complexes se composent de nombreuses entités qui sont structurellement ou stochastiquement dépendantes. Cependant, la plupart des études se sont concentrées sur le pronostic des composants seuls ou des systèmes indépendants à composants multiples et ils ont négligé les dépendances existantes entre eux, ce qui peut influencer les décisions de maintenance ou de planification basées sur des informations pronostic. Dans ce chapitre, une vue holistique du système industriel est proposée, considérant toutes ses composantes et les mécanismes de dégradation sous-jacents, y compris la propagation de la dégradation, en évaluant le pronostic au niveau du système par des approches statistiques. La modélisation holistique utilise la connaissance des modèles de charges et de défaillances du cycle de vie du produit, ou d'autres modèles phénoménologiques descriptifs du système. Ces modèles sont généralement des agrégations mathématiques de modèles de défaillance de composants avec des équations supplémentaires décrivant comment les composants interagissent dans l'ensemble du système. Pour bien assurer cette vue holistique, un système multi-agent holonique est proposée pour le pronostic global du système, ou le système est décomposé en trois niveaux: composants, fonctions, global.

2.1 Introduction

Ce chapitre passe en revue un état de l'art des solutions proposées pour le pronostic global des systèmes. Ainsi, les différentes approches à base d'agents proposées dans le cadre de PHM. Il explique en détail la démarche générique proposée pour le pronostic des systèmes à composants multiples avec les différents types de dépendances existantes. Aussi, il expose la modélisation des systèmes multi-agents holoniques, et les trois types d'agents principales: agent de pronostic local, agent de pronostic fonctionnel, et l'agent de pronostic global. A la fin, une étude de cas d'un système fictif tiré de la littérature est examinée en détail et discutée.

2.2 Etat de l'art

Dans ce travail, nous considérons le pronostic comme un processus de prédiction du temps restant avant qu'une défaillance ne survienne dans un composant surveillé, généralement appelé "la durée de vie utile restante" (RUL). D'une part, les études se concentrent sur les dépendances des défaillances et leur mode de propagation. D'autre part, d'autres études se concentrent sur le développement d'approches, en particulier des paradigmes basés sur les agents, qui peuvent gérer la complexité de la fonction de pronostic au niveau du système. Cependant, il existe un manque entre les deux domaines, où certains types de dépendances sont ignorés dans les approches distribuées, comme la dépendance stochastique. Dans ce qui suit, les travaux relatifs aux deux domaines sont brièvement présentés.

2.2.1 Pronostic des systèmes complexes

L'estimation de la RUL est un segment essentiel de la PHM. En général, les études RUL se sont principalement concentrées sur le modèle de prédiction précis du système. Les méthodes expérimentales utilisent des modèles probabilistes ou stochastiques du phénomène de dégradation ou du cycle de vie des composants, puis la RUL peut être estimée en ajustant les données disponibles sous les propriétés probabilistes et mathématiques, et la fonction de densité de probabilité (PDF) de la RUL est dérivée en mettant en œuvre une analyse statistique.

Les systèmes complexes comprennent de multiples composants qui sont structurellement ou stochastiquement dépendants. Cependant, la plupart des études se sont concentrées sur la RUL de composants uniques ou de systèmes indépendants à composants multiples et ont négligé les dépendances existantes entre eux, qui peuvent affecter le maintien ou la planification des décisions de poste basées sur les informations de pronostic.

Malgré l'existence de diverses études sur la dépendance stochastique, l'évaluation reste une tâche difficile, surtout au niveau global du système. Song a supposé que deux processus provoquent la défaillance du composant, le processus de défaillance souple lorsque la dégradation atteint un seuil de défaillance, et le processus de défaillance RUL lorsque la valeur de la charge dépasse la résistance maximale du composant Song et al. [45]. Dans Wu et al. [46], les auteurs ont présenté un modèle de fiabilité dépendant du temps où la détérioration du composant peut être considérée comme un processus stochastique dépendant du temps. Une autre étude a montré l'importance de l'interaction stochastique entre les composants du système dans l'estimation de la RUL Hafsa et al. [47]. Khorasgani a estimé le pronostic au niveau du système en combinant le schéma d'estimation et de prévision pour calculer la RUL comme une distribution stochastique Khorasgani et al. [48].

Différentes études ont été proposées pour traiter l'impact intégré des dépendances stochastiques et économiques. Des modèles de décision de maintenance sont développés et évalués sur des systèmes multi-composants avec ces dépendances. Dans Shi and Zeng [49], les auteurs ont proposé une stratégie de maintenance dynamique opportuniste basée sur les conditions pour les systèmes à composants multiples en tenant compte de la dépendance stochastique en utilisant la théorie du filtrage stochastique. Dans Xie and Liu [33], un nouveau modèle pour caractériser les dépendances cachées parmi les dégradations multiples est développé. En conséquence, les dépendances spécifiques de ce modèle peuvent être facilement estimées sur la base des données indirectes de surveillance des conditions. Dans Huynh et al. [50], les auteurs ont proposé une approche décisionnelle à plusieurs niveaux sur un système de dégradation à n composantes avec une structure k -out-of- n et une dépendance économique. Shahraki et al. [51] ont présenté un problème d'optimisation de la maintenance sélective pour les systèmes complexes composés de composants à dépendance stochastique. Les composants se dégradent pendant la durée de la mission, et le taux de dégradation de chaque composant dépend non seulement de sa dégradation intrinsèque, mais aussi de l'état des autres composants dépendants du système. Li et al. [52] a proposé une nouvelle politique de maintenance basée sur l'état pour les systèmes à composants multiples en tenant compte des dépendances stochastiques et économiques. Le modèle des copules de Lévy est utilisé pour modéliser la dépendance stochastique entre les composants. Ensuite, son influence sur l'optimisation de la maintenance est étudiée avec différents degrés de dépendance. Les auteurs Prakash et al. [53] ont analysé les tendances de dégradation des systèmes à composants multiples en se basant sur la matrice de signature de la sensibilité dynamique. Liang et al. [54] ont proposé un modèle de chaîne de Markov en temps continu à valeurs vectorielles multicouches pour saisir les caractéristiques de la propagation des défauts dans les systèmes à composants multiples.

2.2.2 L'application des Systèmes Multi-Agents pour le pronostic des systèmes complexes

D'autre part, les chercheurs élaborent des plateformes pour établir des pronostics dans les systèmes complexes. La plateforme de pronostic doit surveiller en temps réel l'ensemble du système avec toutes ses dépendances, et donne une estimation globale de la RUL. Dans une telle situation, la puissance des interactions, de la coordination et de la négociation SMA apparaissent. Par conséquent, plusieurs plateformes SMA traitent le problème du pronostic au niveau du système et supposent que les composants sont stochastiquement indépendants. Dans Dragomir et al. [55], les auteurs ont utilisé différents pronostics locaux au niveau des composants ; les informations incomplètes recueillies par ces agents sont utilisées par un réseau neuronal qui fonctionne comme un outil de pronostic global. Ainsi, Desforges a utilisé des agents de pronostic pour surveiller les composants, les fonctions et les sous-systèmes Desforges et al. [56]. Dans (Saha et al. [26], la même entité agent de diagnostic et de pronostic passe d'un état de diagnostic à un état de pronostic lorsqu'une condition critique est détectée. Alors que la plupart des architectures proposées visent à combiner les pronostics locaux en une fonction globale, Rodrigues a présenté une nouvelle méthode pour prédire la RUL au niveau du système. En se basant sur les facteurs de santé des composants, une fonction de cartographie des performances des composants est utilisée pour estimer la durée de vie utile restante au niveau du système en termes d'interactions entre les composants et de la manière dont les performances globales du système sont affectées Rodrigues [57].

2.3 Objectifs et contributions

Pour les grands systèmes, l'identification des défauts et de leurs probabilités d'occurrence représente un défi difficile en matière de fiabilité. Au niveau du système, les défaillances dépendent de la connexion que le composant a avec le reste du système. L'évaluation des risques des systèmes complexes doit être basée sur une analyse des défaillances qui tienne compte de la propagation des défauts entre les domaines et les sous-systèmes. C'est pourquoi des études ont été proposées pour évaluer les systèmes complexes dès les premières étapes de la conception en développant des outils de test automatique pour éviter les coûts supplémentaires des tests manuels Eppinger et al. [58]. Néanmoins, la plupart de ces études se concentrent sur un seul scénario d'événement critique et négligent l'évaluation de la RUL globale avec différents ensembles de connexions et de fonctions des composants Papakonstantinou et al. [59]. Par conséquent, l'approche proposée étend les outils de test automatique existants pour évaluer la RUL globale, en considérant plusieurs types de

dépendances en même temps. Le tableau 2.1 présente les différentes approches proposées dans la littérature et leur objectif principal.

Tab 2.1 Étude comparative des différents types de dépendances inclus dans l'estimation RUL

| Travaux | Dépendance structurelle | Dépendance fonctionnelle | Dépendance stochastique | Dépendance économique |
|---------------------------------|-------------------------|--------------------------|-------------------------|-----------------------|
| Dragomir Dragomir et al. [55] | X | | | |
| Saha Saha et al. [26] | X | | | |
| Desforges Desforges et al. [56] | X | X | | |
| Rodrigues Rodrigues [57] | X | X | | |
| Huynh Huynh et al. [50] | | | | X |
| Shi Shi and Zeng [49] | | | X | X |
| Shahraki Shahraki et al. [51] | | | X | X |
| Li Li et al. [52] | | | X | X |
| Approche proposée | X | X | X | |

En outre, les interactions et la coordination entre les agents de pronostic nécessitent une conception bien établie pour réduire le temps de calcul et garantir l'utilité de ces agents. En conséquence, une solution holistique basée sur les agents est utilisée pour surveiller le système du niveau des composants au niveau global et pour étendre l'approche afin de travailler efficacement dans des solutions post-décisionnelles avec d'autres agents tels que les agents de planification et de planification de la maintenance.

2.4 Modélisation de systèmes à composants multiples avec structure complexe

Cette section vise à fournir des concepts et des éléments pour soutenir la modélisation pronostique d'un système cohérent à une structure complexe. Pour ce faire, nous présentons des concepts, des caractéristiques et des analyses sur différents types liés à la structure des systèmes à composants multiples. En particulier, cette section traite l'approche proposée pour analyser et établir la fonction de pronostic du niveau local au niveau global en tenant compte de plusieurs types de dépendances. En outre, un système holonique multi-agents est proposé pour renforcer l'efficacité d'une stratégie de pronostic pour ce type de système.

2.4.1 Démarche générique pour le pronostic des systèmes à composants multiples

Un système est conçu pour répondre à des besoins, et des performances regroupés sous le terme "exigences" dans la science de l'ingénierie des systèmes. La phase de conception détermine l'architecture fonctionnelle et physique la plus appropriée pour répondre aux exigences. Les systèmes sont conçus de différentes manières pour répondre à différentes exigences ; les architectures, les entités et les interactions sont donc différentes. C'est pourquoi, afin de modéliser un système, certaines connaissances mises à disposition lors de la phase de conception sont nécessaires pour mettre en œuvre la fonction de pronostic visée pour un système multi composants donnée Lemaitre González [60].

Dans la littérature, trois types de connaissances ont été identifiés pour mettre en œuvre la fonction de pronostic pour un systèmes à composants multiple (SCM) donné : les connaissances structurelles, les connaissances comportementales et les connaissances fonctionnelles, à l'exception des connaissances sur la fonction de pronostic elle-même. Dans notre approche, les connaissances stochastiques sont incluses et leur impact sur le pronostic global des SCM est étudié. La figure. 2.1 présente le processus générique proposé pour la fonction du pronostic. Par la suite chaque étape est étudié en détail.

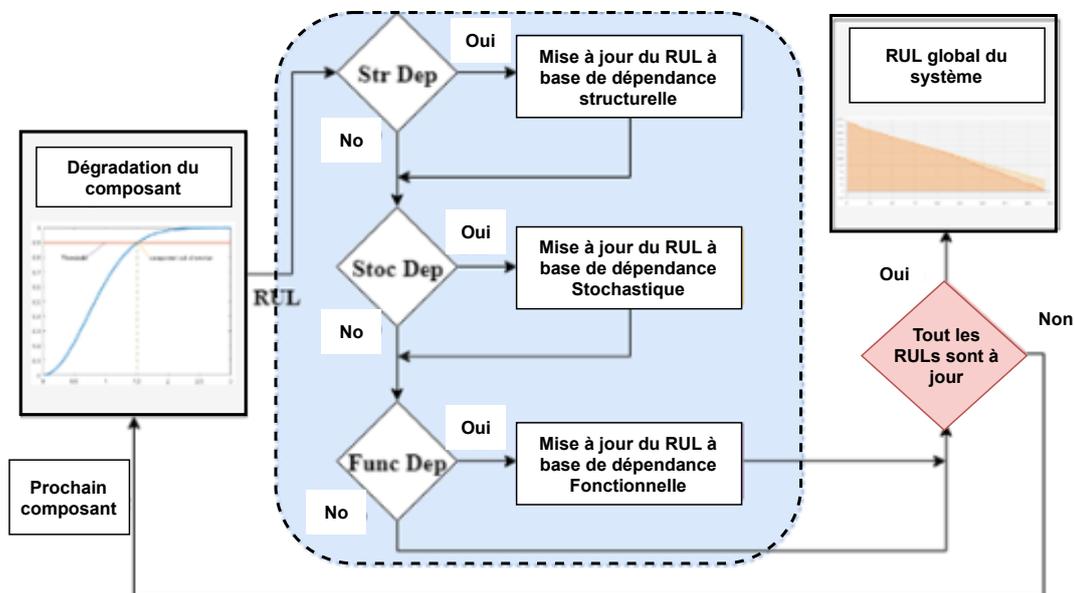


Fig. 2.1 Démarche générique pour le pronostic des SCM.

2.4.2 Pronostic des composants fondé sur la fiabilité

La fonction de pronostic est attribuée pour estimer la probabilité associée à chaque défaillance future possible du système. Cette probabilité, qui dépend du mode de fonctionnement actuel, est extraite d'un ensemble de modèles de vieillissement supposés disponibles pour chaque composant du système. Ces modèles représentent les connaissances disponibles sur l'usure des composants, et ils peuvent indiquer une valeur moyenne de la défaillance du composant suivant comme le temps moyen avant la défaillance Ribot [19].

Soit f_i la fonction de densité de probabilité (PDF) représentant la probabilité de défaillance du composant i , la durée de vie résiduelle (RUL) du composant C_i est définie comme le temps t_c pour lequel la probabilité de défaillance a dépassé le seuil P_{max} , comme dans:

$$RUL(C_i) = t_c \text{ such that } \int_0^{t_c} f_c dt = P_{max} \quad (2.1)$$

Les paramètres privés des composants du système représentent généralement les attributs physiques des composants et sont donc entièrement hétérogènes. La difficulté consiste à établir une représentation commune du pronostic pour chaque type de paramètre privé. Cette représentation doit être aussi souple que possible pour représenter les fonctions de densité de probabilité de défaillance de chaque paramètre privé du système. De nombreux modèles de dégradation sont proposés dans la littérature [61].

Le modèle probabiliste de Weibull est souvent utilisé dans le domaine de la fiabilité et pour l'analyse des données de la vie du système. C'est pourquoi nous l'utilisons. Ce modèle probabiliste est très souple et dépend de certaines propriétés qui lui permettent de répliquer le comportement d'autres lois de probabilité telles que les lois exponentielles ou normales. Aussi, Les paramètres de la distribution de Weibull peuvent être estimés à l'aide de plusieurs méthodes : la méthode des moindres carrés, l'estimateur du maximum de vraisemblance, et d'autres. La fonction de densité de probabilité de Weibull est la suivante :

$$W(t, k, \lambda) = \frac{k}{\lambda} \left(\frac{t}{\lambda}\right)^{k-1} \exp^{-\left(\frac{t}{\lambda}\right)^k} \quad (2.2)$$

Où $t \geq 0, k \geq 0, \geq 0.k, \lambda$ représentent respectivement la forme et les paramètres d'échelle de la distribution. À partir des équations 2.1 et 2.2, nous pouvons définir la durée de vie utile restante pour un composant donné C_i comme :

$$RUL(C_i) = t_c \text{ such that} \quad (2.3)$$

$$\int_0^{t_c} \frac{k}{\lambda} \left(\frac{t}{\lambda}\right)^{k-1} \exp^{-\left(\frac{t}{\lambda}\right)^k} dt = P_{max}$$

2.4.3 Dépendance structurelle

La notion de la structure est liée à la topologie du système, qui désigne toutes les entités (composants ou fonctions), leurs niveaux, ainsi que leurs interrelations et interactions dans la mise en œuvre du système. Les connaissances requises pour la modélisation structurelle peuvent être trouvées dans les arbres de défaillance, les études HAZOP (HAZard and OPERability) Dunjó et al. [62], les modèles de conception tels que les diagrammes SADT (Structured Analysis Design Technique) ou SysML (System Modeling Language) souvent utilisés pour soutenir l'ingénierie des systèmes basée sur les modèles.

En effet, ces schémas permettent d'identifier les échanges de flux et ainsi les interactions entre les entités (fonctions ou composants) et donc les conséquences des défaillances des entités qui entraînent des flux d'entrée qui ne répondent plus aux attentes Dunjó et al. [62]. Cela permettant ainsi d'établir des relations de cause à effet entre les entités.

Une illustration graphique des notions de structure est présentée dans la Figure 2.2. Dans ce schéma, la relation causale indique que l'entité en aval est hors-service ou le deviendra si celle en amont est défaillante ou hors-service ou si elle le devient. Ainsi, seules les relations causales directes doivent être modélisées pour ne pas considérer le même événement comme plusieurs événements indépendants.

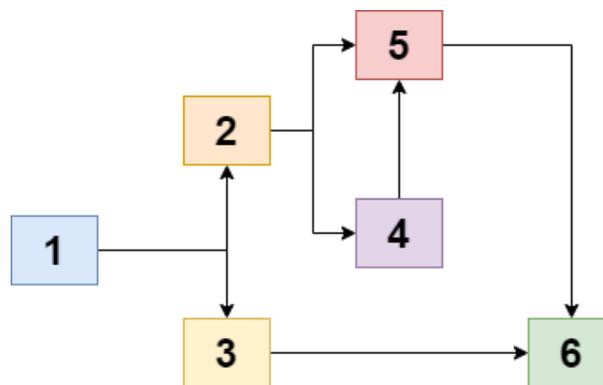


Fig. 2.2 Représentation structurelle du SCM.

En effet, selon le modèle structurel de la figure 2.2, si le composant 1 est défaillant ou hors service, les composants 4 et 5 seront hors service et, par conséquent, le composant 7 sera également défaillant ou hors service. Cela permettra de trouver, si tel est le cas, la source d'un dysfonctionnement entre les entités desquelles une entité donnée est structurellement dépendante.

Pour résumer, pour une dépendance structurelle si le composant i est structurellement dépendante du composant j , le composant i sera hors service si le composant j est hors service. En conséquence, la *RUL* du composant i est donnée par:

$$RUL(C_i) = \begin{cases} RUL(C_i) & \text{if } RUL(C_j) > 0 \\ 0 & \text{if } RUL(C_j) = 0 \end{cases} \quad (2.4)$$

2.4.4 Dépendance fonctionnelle

En matière d'ingénierie des systèmes, les SCM sont également considérés dans une perspective hiérarchique qui décompose un système en sous-systèmes, un sous-système en fonctions (ou services), une fonction en fonctions et/ou composants Kossiakoff et al. [63]. Des diagrammes tels que FAST (Function Analysis System Technique) rendent possible la représentation de telles hiérarchies. Par conséquent, la modélisation des connaissances fonctionnelles cherche à déterminer les entités (composants, fonctions ou services, sous-systèmes et le SCM lui-même) qui participent à la réalisation des fonctions, des services et des sous-systèmes du SCM Kossiakoff et al. [63]. Cette modélisation rassemble de manière hiérarchique les différentes entités en fonctions explicites pour les usagers (superviseurs, pilotes, conducteurs, opérateurs de production, ...) en responsabilité de l'exploitation du SCM.

La connaissance fonctionnelle est fondée sur des relations d'appartenance qui caractérisent le fait qu'une unité participe à la mise en œuvre d'une fonction, d'un service ou d'un sous-système. Un composant peut être attribué à une ou plusieurs fonctions. La connaissance fonctionnelle est la seule qui nous permette de monter du niveau d'un composant au niveau d'une fonctionnalité (fonction ou service). Cette notion de fonction est requise dans le PGF car le bon fonctionnement de ces fonctions ou services garantit que les futures tâches de production pourront être réalisées de manière satisfaisante.

Dans la décomposition hiérarchique d'une fonction, les fonctions ne sont mises en œuvre que par des composants au niveau le plus bas de la hiérarchie. Dans les niveaux supérieurs de la décomposition hiérarchique, les fonctions peuvent être implémentées par des composants et/ou d'autres fonctions. Enfin, au niveau le plus élevé de la décomposition hiérarchique, les sous-systèmes ne sont implémentés que par des fonctions. Cette première caractérisation de la connaissance fonctionnelle indique qu'une fonction est assimilable à des entités structurées en série dans un diagramme de fiabilité, comme le montre la figure 2.3.

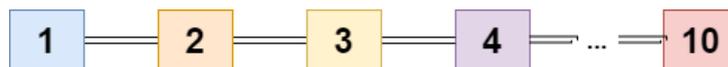


Fig. 2.3 Représentation fonctionnelle des composants en série dans un SCM.

Toutefois, ces diagrammes de fiabilité représentent également des structures dans lesquelles les entités sont parallèles, comme le montre la figure 2.4.

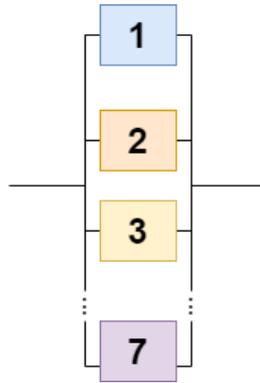


Fig. 2.4 Représentation fonctionnelle des composants en parallèle dans un SCM.

Ces structures parallèles constituent, en termes fonctionnels, des redondances, autrement dit, les entités parallèles assurent le même service ou la même fonction pour répondre aux exigences de la sécurité opérationnelle. Dans de très nombreux cas, le service est assuré tant qu'au moins une entité peut le fournir. La représentation de ses structures parallèles, que nous appelons "redondances", peut être définie avec les relations d'appartenance et font, à notre avis, partie de la connaissance fonctionnelle.

Les deux structures présentes dans les schémas de fiabilité peuvent être représentées graphiquement par des relations d'appartenance qui combinent des entités en série dans une fonction et des entités parallèles dans une fonction redondante, comme le montre la figure 2.5.

Pour le calcul des RULs de différentes fonctions, nous considérons deux scénarios:

- Fonctions simples : échouent lorsqu'un de leurs composants tombe en panne. La RUL de cette fonction est simplement donnée par le minimum de la RUL de ses composants

$$FRUL_f = \min \left\{ RUL_c \right\}_{c \in (1, \dots, l)} \quad (2.5)$$

- Fonction redondante : pour des raisons de sécurité et de fiabilité, des systèmes redondants sont utilisés (plusieurs composants ont la même activité). Ces fonctions ont au moins deux composants qui exécutent les mêmes tâches, la RUL de la fonction redondante est donnée par :

$$FRUL_f = \max \left\{ RUL_c \right\}_{c \in (1, \dots, l)} \quad (2.6)$$

Où l est le nombre de composantes de la fonction f .

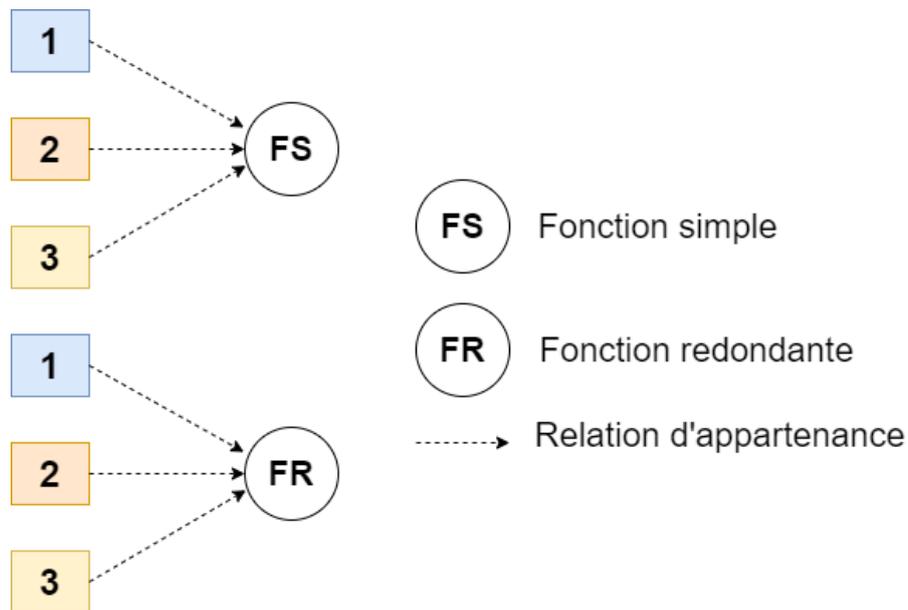


Fig. 2.5 Représentation graphique d'une fonction simple et redondante avec une relation d'appartenance.

2.4.5 Dépendance stochastique

Souvent, les processus de détérioration des composants sont supposés être indépendants Dievart et al. [40], Dragomir et al. [55]. Cependant, les systèmes du monde réel sont généralement complexes et comprennent de multiples composants en interaction. Cela entraîne des dépendances entre les composants qui peuvent potentiellement affecter la disponibilité globale du système. Cela rend alors les stratégies de maintenance à composant unique sous-optimales. Cependant, récemment, la recherche sur les mesures de confiance a montré un intérêt croissant pour les systèmes à composants multiples Keizer et al. [64], Desforges et al. [56].

La dépendance stochastique est également connue sous le nom d'interaction probabiliste Thomas [65], d'interaction de défaillance et de dépendance probabiliste Nicolai and Dekker [66].

Ce type de dépendance signifie que la dégradation d'un composant peut affecter le processus de dégradation des autres composants, accélérant généralement la dégradation des autres composants et entraînant des défauts et des défaillances inattendus. En se référant à la littérature, on constate que l'on peut distinguer différents types de dépendance stochastique. Dans Murthy and Nguyen [67], les auteurs ont été les premiers à proposer une distinction. La dépendance stochastique a été divisée en trois types : les interactions de défaillance de I, II et III. Ces interactions de défaillance ont d'abord été considérées comme un système à

deux composantes Murthy and Nguyen [67], mais certaines ont ensuite été généralisées en systèmes à plusieurs composantes Murthy and Nguyen [67].

- Une interaction de défaillance de type I se produit lorsqu'une défaillance naturelle d'un composant i peut induire une défaillance dans d'autres composants $j \neq i$. En considérant $0 \leq p ; q \leq 1$, la défaillance du composant i peut induire une défaillance dans un composant j avec une probabilité p , et on dit qu'elle n'affecte pas la défaillance d'un composant j avec une probabilité $1 - p$. Un composant j peut induire une défaillance dans le composant i avec une probabilité q , et on dit qu'il n'affecte pas la défaillance du composant i avec une probabilité $1 - q$. Si les composantes i et j sont indépendamment soumises à une dégradation, alors $p ; q = 0$.
- Une interaction de défaillance de type II est considérée comme un choc qui affecte le taux de défaillance des autres composants d'un système après la défaillance d'un composant. Par conséquent, nous pouvons considérer le taux de défaillance des composants non seulement en fonction de l'âge mais aussi du nombre de chocs reçus.
- Une interaction de défaillance de type III est décrite comme étant la combinaison des interactions de défaillance de type I et II.

Dans Keizer et al. [64], les dépendances stochastiques sont classées en dommages induits par les défaillances, répartition de la charge et détérioration en mode commun.

- Les dommages induits par une défaillance sont décrits comme les dommages qui peuvent affecter d'autres composants lorsqu'un certain composant est défaillant. Les dommages causés peuvent être à l'origine d'une augmentation importante du niveau de dégradation d'autres composants ou même provoquer leur défaillance.
- La répartition de la charge est décrite comme une augmentation de la charge sur certains composants lorsqu'un composant tombe en panne. Ainsi, le système continue à produire la même sortie, et une charge de travail qui était divisée sur un nombre n de composants est maintenant considérée comme étant divisée sur un nombre $n-1$ de composants. Cela entraîne une dégradation accélérée des autres composants qui sont encore fonctionnels.
- La détérioration en mode commun est décrite comme la dégradation simultanée de plusieurs composants. C'est lorsque plusieurs composants sont soumis aux mêmes conditions de travail, et donc, une augmentation de la dégradation d'un composant implique une augmentation proportionnelle de la dégradation pour les autres composants.

Dans Kobbacy and Murthy [68], les interactions de défaillance de type I et de type II mentionnées précédemment sont uniquement prises en compte, ces dernières étant désormais appelées interactions de taux de défaillance. Plus récemment, cette interaction de taux de défaillance est appelée interaction de dégradation, dans laquelle une défaillance n'a pas besoin de se produire pour affecter le comportement de dégradation des autres composants.

Dans Liang et al. [54], les interactions de dégradation sont encore divisées en dépendance induite et inhérente.

- La dépendance induite est décrite comme le dommage causé aux autres composants lorsqu'un composant ne fonctionne pas correctement. Ils se réfèrent au modèle de dommage par choc comme étant le modèle typique utilisé dans de tels cas.
- La dépendance inhérente est décrite comme l'interaction de dégradation entre de multiples composants causée par des circonstances opérationnelles et de partage de charge. Elle est généralement modélisée à l'aide de distributions ou de couplages multivariés comme dans Hong et al. [69].

Dans le cas de toutes les dépendances stochastiques mentionnées précédemment, une question nous préoccupe, à savoir comment l'état de santé d'une composante affecte l'état de santé des autres composants. L'état de santé lui-même peut être défini de nombreuses façons. Il s'agit généralement de la défaillance ou non d'un composant, ou de l'âge du composant, de sa performance ou d'autres indices dérivés de la surveillance de l'état de santé ; ou d'une combinaison de tous ces éléments.

Par conséquent, nous pouvons organiser les dépendances stochastiques discutées précédemment en deux groupes principaux : les interactions de défaillance et les interactions de dégradation.

Les interactions de défaillance sont considérées lorsque nous attendons que la défaillance d'un composant pour voir l'effet sur les autres composants. Ou bien, l'effet peut provoquer un changement dans le comportement de dégradation d'autres composants, ce qui accélère généralement le processus de dégradation. Ce type de dépendance n'est pris en compte dans cette étude.

Contrairement aux interactions de défaillance, l'interaction de dégradation est considérée lorsque tous les composants sont encore en fonctionnement, c'est-à-dire qu'aucun composant n'a encore subi de défaillance, et lorsque l'état de santé d'un composant affecte les taux de dégradation des autres composants. On parle alors plus récemment d'interaction état-taux, y compris la détérioration en mode commun. Ce type d'interaction est de plus en plus souvent envisagé dans les travaux récents. Cela n'est pas surprenant puisque la défaillance des composants est très peu appréciée. Depuis peu, l'utilisation de capteurs et de systèmes

IoT a augmenté pour permettre une meilleure surveillance des conditions. En raison de l'impulsion donnée au développement des approches de pronostic et de la PHM en général. Ce type de dépendance stochastique est traité plus en détail dans la suite, et les résultats constituent un aspect fondamental de ce chapitre.

RUL des composants avec une dépendance stochastique

En général, les composants se détériorent en vieillissant ou résultent de certains facteurs appelés covariables, c'est-à-dire du degré d'utilisation ou de la quantité de stress. Cette charge externe sur le composant affecté peut influencer sur sa probabilité de défaillance. La résistance du composant est modélisée comme une variable aléatoire qui diminue avec le temps, et elle peut être représentée par le processus gamma, qui dégrade la fiabilité et accélère le risque de défaillance.

Les défaillances dépendantes désignent la défaillance d'un composant qui peut affecter un ou plusieurs composants fonctionnels. Par conséquent, la dépendance stochastique est l'état de l'unité donné par le taux de défaillance, l'âge, l'état de dégradation, ou d'autres mesures qui peuvent influencer les états d'autres unités. Dans notre travail, les dépendances stochastiques impliquent que la dégradation d'un composant affecte le taux de défaillance de l'autre composant. Le modèle agrège mathématiquement la dégradation continue et le comportement aux chocs pour être appliqué à un problème de conception de système avec des processus de défaillance dépendants. Les hypothèses de ce modèle ont été formulées par de nombreux chercheurs Song et al. [45], Peng et al. [70]. La figure 2.6 montre les principales étapes de la mise à jour de la RUL des composants à dépendance stochastique.

Hafsa a proposé une fonction linéaire simple pour modéliser ce type de dépendances stochastiques [47]. Une fonction de densité cumulative est utilisée pour définir l'état de dégradation du composant. À chaque état, ce composant appelé "composant influent" augmente le taux de dégradation du "composant affecté" d'une quantité $\rho_{i \rightarrow a}$ que nous avons appelée IDI (impact of degradation interaction) qui dépend de l'état de dégradation du composant influent C_i . C_i peut être dans différents états de dégradation, par exemple nominal, dégradé, critique, défaillance (Figure.2.7).

Soit $S_i(t)$ indiquant l'état de dégradation du composant C_i , où S_i est la fonction constante par morceaux, comme dans:

$$s(F_i(t)) = \begin{cases} 1 & F_i(t) < p_{i,1} \\ 2 & p_{i,1} \leq F_i(t) < p_{i,2} \\ 3 & p_{i,2} \leq F_i(t) < p_{i,3} \\ 4 & F_i(t) \geq p_{i,3} \end{cases} \quad (2.7)$$

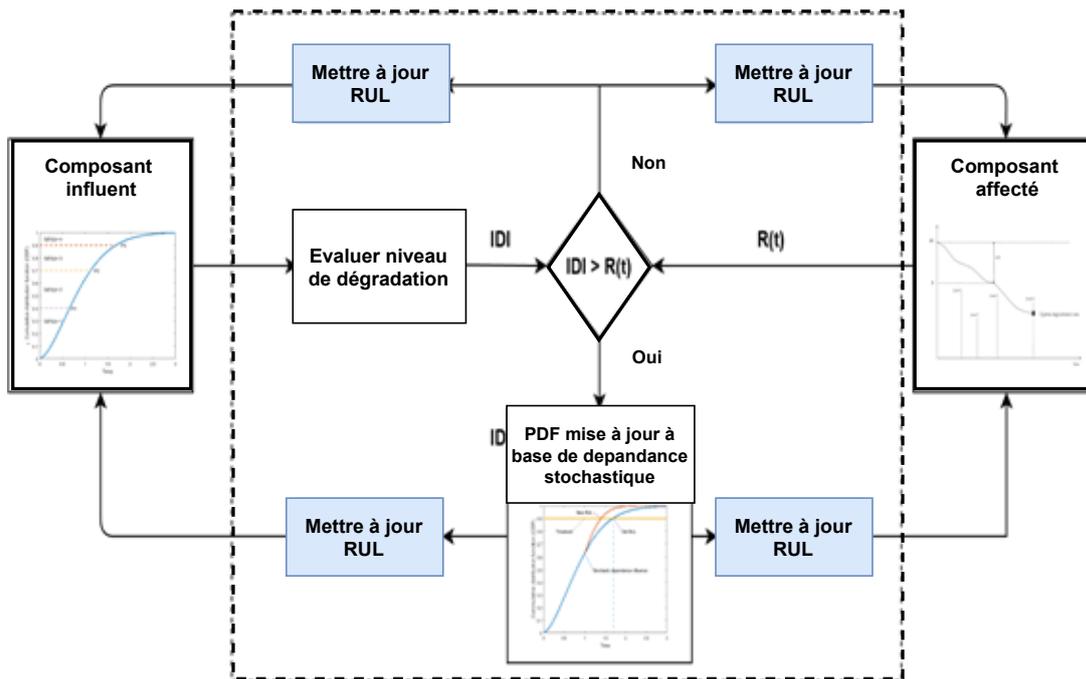


Fig. 2.6 Mise à jour de la RUL en fonction de l'impact de l'interaction de la dégradation.

Où $p_{i,j_{j \in (1, \dots, 4)}}$ représente le seuil de probabilité des états de dégradation. La valeur de ces seuils de probabilité peut être simplement fournie par le fabricant ou dépend de nombreux facteurs tels que le mode de fonctionnement et le plan de maintenance. En outre, la plupart des composants se détériorent en raison de certains facteurs, de la quantité de contraintes subies, du degré d'utilisation ou se dégradent simplement en vieillissant. Dans Wu et al. [46], la force du composant tombant sous la charge est définie comme : $R_i = R_0 - x_t$ où R_0 représente la force initiale et x_t est la détérioration de l'élément dans le temps, x_t suit un processus gamma (Figure.2.8).

Pour analyser efficacement l'interaction de dégradation, chaque composant est représenté avec sa fonction de distribution cumulative de Weibull notée F (Figure.2.9) :

$$F(x; k; \lambda) = 1 - \exp\left(-\left(\frac{x}{\lambda}\right)^k\right) \quad (2.8)$$

Les interactions entre les composants peuvent modifier la répartition de leur dégradation. Le paramètre d'échelle k' de la distribution de Weibull est modifié comme suit : $k' = f(r_i)$ de sorte que r_i soit le taux de dégradation de l'interaction.

$$k' = k \cdot r_i(t) \quad (2.9)$$

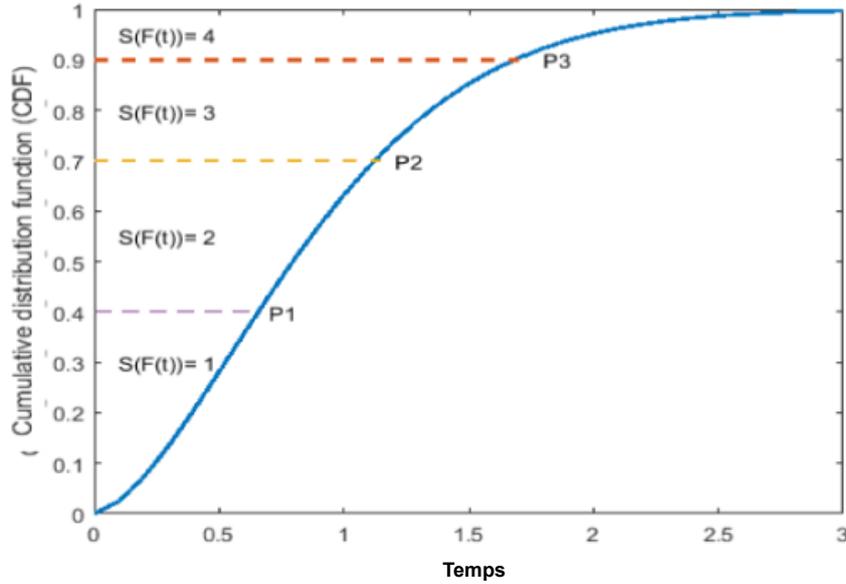


Fig. 2.7 Weibull CDF avec différents états de dégradation Benagoune et al. [2]

où k' est le nouveau paramètre d'échelle sous contrainte.

$$F(x; k'; \lambda) = 1 - \exp\left(-\left(\frac{x}{\lambda}\right)^{k' r_i(t)}\right) \quad (2.10)$$

Comme $r_i(t)$ est le taux de dégradation du composant affecté C_a au moment t . $r_i(t)$ est composé de deux parties :

1. la force de la composante affectée C_a .
2. l'état de dégradation du composant influent C_i .

Ainsi, le taux de dégradation proposé du composant C_i peut être écrit sous la forme suivante :

$$r(t) = \begin{cases} \frac{\rho_{i \rightarrow a}}{R(t)} & \text{si } \rho_{i \rightarrow a} > R(t) \\ 1 & \text{sinon} \end{cases} \quad (2.11)$$

Contrairement au [47], nous n'actualisons notre taux de dégradation que si l'impact de la dégradation $\rho_{i \rightarrow a}$ est plus important que la résistance du composant. où $\rho_{i \rightarrow a}$ dépend de l'état de dégradation du composant C_i .

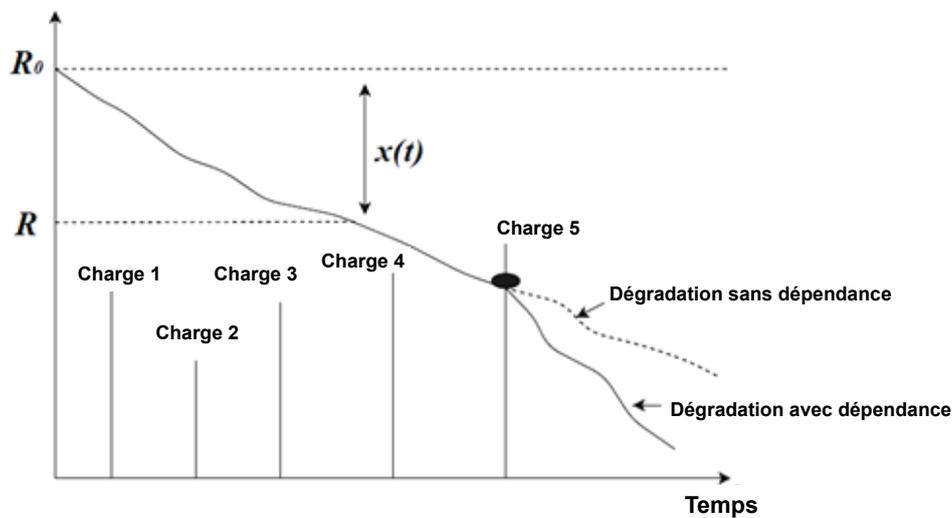


Fig. 2.8 Déterioration du composants sous l'effet de la charge Benagguone et al. [2].

2.4.6 Pronostic du système global

Enfin, la RUL de l'ensemble du système est estimé sur la base de toutes les informations recueillies au cours des étapes précédentes, du niveau des composantes au niveau global, afin de donner une estimation précise du S-RUL. Le GP-Agent calcule le S-RUL comme suit :

$$S - RUL = \min \left\{ FRUL_f \right\}_{f \in (1, \dots, m)} \quad (2.12)$$

Où m est le nombre de fonctions dans l'ensemble du système.

2.5 Système Multi-Agent Holonic pour le pronostic global des systèmes à composants multiple (SMA-Prog)

2.5.1 Organisation du système

Les SMA sont un paradigme inspiré de l'intelligence artificielle distribuée, basé sur un ensemble d'entités individuelles autonomes et coopératives appelées agents. Chaque agent a un rôle, des connaissances, des compétences et une perception locale de l'environnement qui lui sont propres.

Les agents interagissent, négocient et coordonnent de manière autonome en ce qui concerne leurs actions et leur perception du domaine [29]. La capacité de l'ensemble du SMA dépasse la capacité de chacun des agents individuels. Dans les systèmes complexes, les SMAs sont des caractéristiques extrêmement utiles, car la tâche globale peut être décomposée

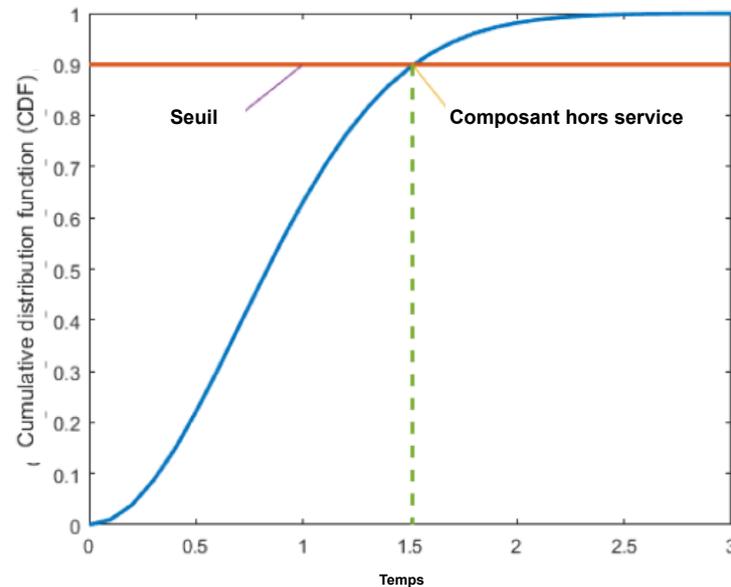


Fig. 2.9 CDF de Weibull pour la modélisation de la dégradation des composants : le composant est déclaré hors service lorsque le niveau de dégradation atteint un seuil prédéfini Benagoune et al. [2].

en différentes sous-tâches, chacune d'entre elles pouvant être résolue par un solveur spécifique [71]. Ainsi, son application se situe dans différents domaines, dans le diagnostic [72], le contrôle de la tolérance aux fautes [73], le contrôle de la production [74], et les soins de santé [75]. Dans notre travail, nous proposons une approche basée sur les agents pour gérer la complexité et suivre les changements du système. Lorsqu'un agent apparaît comme une entité unique (agent de pronostic fonctionnel), il peut en fait être composé de nombreux sous-agents (agents de pronostic locaux). Nous appelons les agents composés de sous-agents des agents holoniques. Selon la décomposition du système proposée, il existe trois niveaux : le niveau des composants, le niveau fonctionnel et le niveau global. Cette structure peut être considérée comme une structure Holarchique (basée sur Holon) (Figure. 2.11), où le concept Holon défini par Koestler est la concaténation de Holos, ce qui signifie le tout et le suffixe On suggère une partie signifie qu'une entité qui peut être un tout ou une partie [76]. Les idées de Koestler ont subi plusieurs adaptations, notamment la robotique, les systèmes de fabrication intelligents, la planification des transports et les systèmes de production flexibles [77] [78] [79]. En outre, les environnements et les SMAs sont définis comme un modèle mathématique basé sur un état uniforme. Une bonne représentation équivalente du système nous permet de passer des états des agents aux états de l'environnement. Cette structure holarchique dans la décomposition de notre approche nous permet d'appliquer un système Multi-Agents Holonique formellement défini dans [80] :

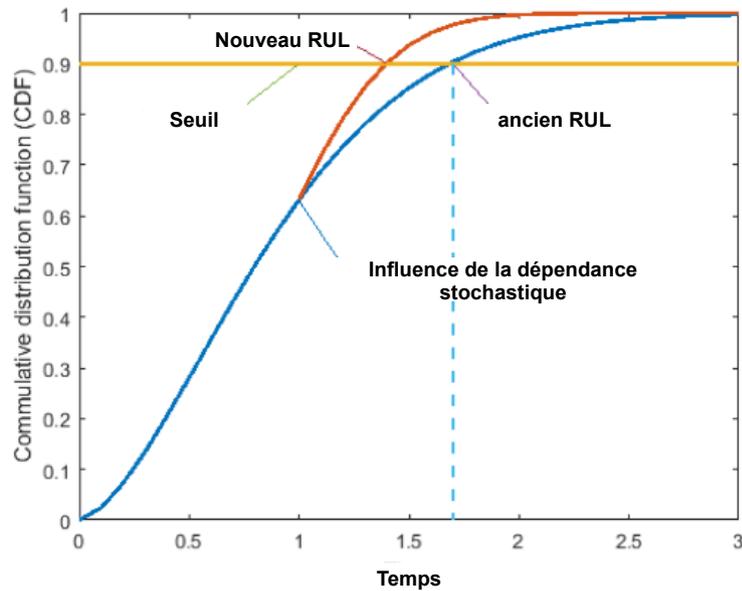


Fig. 2.10 Mise à jour de la RUL sous dépendance stochastique.

Définition : un environnement multi-agents (MAE) est un n-uplet défini par : $MAE = \{A, E, \omega, \delta\}$ où :

- $A = a_1, \dots, a_n$ est l'ensemble de tous les agents, chaque agent est un tuple (S_i, P_i, A_i, ϕ_i) où:
 - S_i est l'ensemble des états possibles de l'agent a_i .
 - P_i est l'ensemble des perceptions.
 - A_i est l'ensemble des actions sur l'environnement.
 - $\phi_i: S_i \cdot P_i \mapsto S_i \cdot A_i$ est sa fonction décisionnelle.
- E : est l'ensemble des états environnementaux
- $\omega: E \mapsto (P_1 \cdot \dots \cdot P_n)$ est une fonction de perception
- $\delta: E \cdot (A_1 \cdot \dots \cdot A_n) \mapsto E$ est une fonction de l'environnement

2.5.2 Modélisation

En suivant la modélisation mathématique du système dans la section précédente, nous pouvons définir nos SMA-Prog où $S_i = (\text{nominal}, \text{dégradé}, \text{critique}, \text{défectueux})$ sont les différents états possibles pour chaque composant. Chaque composant a une perception

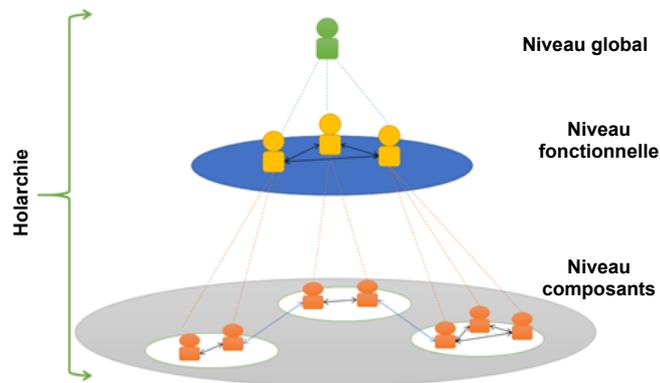


Fig. 2.11 Système Multi-Agents Holonique pour le pronostic (SMA-Prog).

partielle de l'environnement $e \in E$, quel que soit son état S_i , noté : $P_i = \omega\{IDI, S_{j \neq i}\}$, où IDI est l'impact de l'interaction de dégradation ($\rho_{i \rightarrow a}$) sur la machine i et $S_{j \neq i}$ l'état des autres composants. À partir de cette perception, l'agent calcule son nouvel état $S'_i = \phi^1(S_i, P_i)$, où ϕ_i^1 est la fonction responsable de la mise à jour des paramètres de dégradation de la distribution de Weibull et du nouvel IDI du composant i (voir section précédente). Et son action suivante $ae_i = \phi^2(S_i, P_i)$, ae_i est l'ensemble des actions de l'agent a_i , il peut prendre deux actions : agent en fonction ou agent hors service. L'architecture de l'environnement est modifiée, et $e' = \delta(e, a_i, \dots, a_n)$ est le nouvel état de l'environnement.

Agent de Pronostic Local

La conception du module d'agent est basée sur la description donnée dans la section précédente.

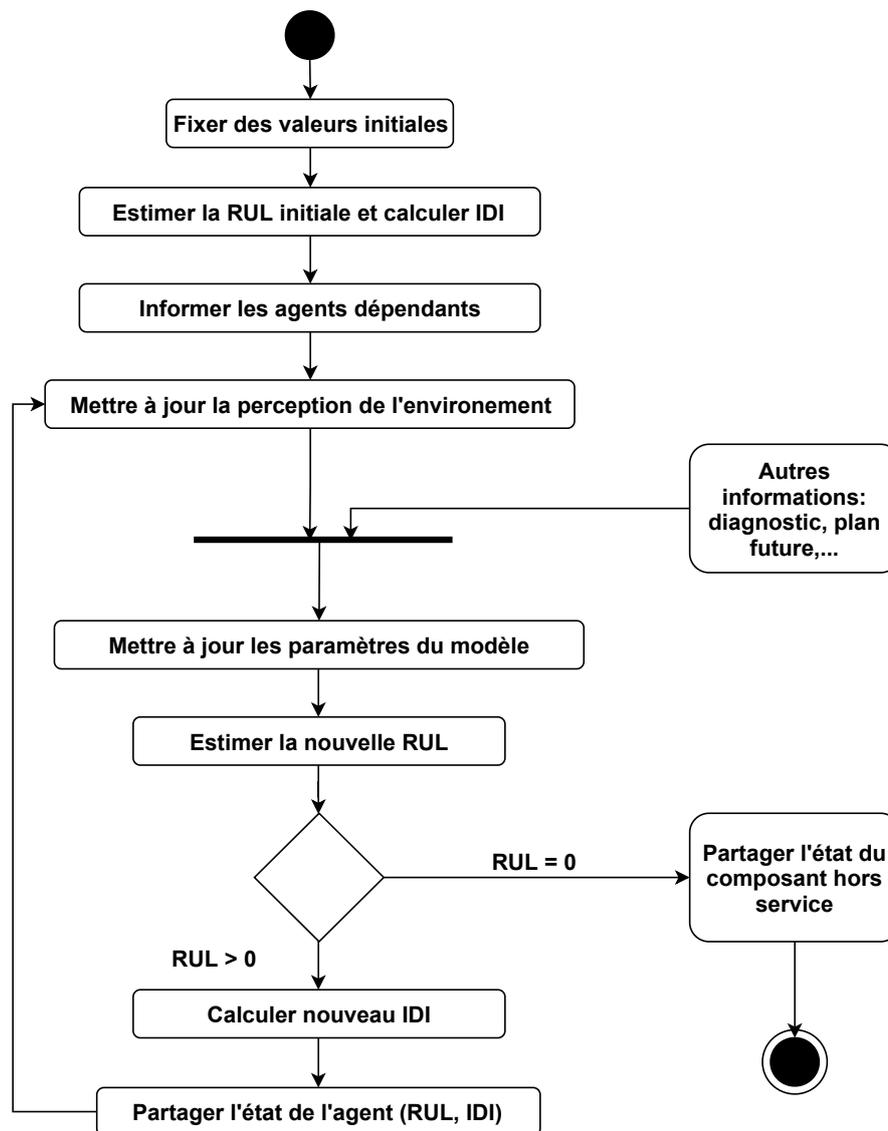


Fig. 2.12 Diagramme d'activité d'un agent de pronostic local Benagguone et al. [2].

Chaque agent de pronostic local a une perception partielle P_i de son environnement $e \in E$ selon l'architecture du système réel. La figure.2.12 montre les différentes étapes exécutées par LP-Agent. Au début, l'agent est créé et toutes les informations nécessaires sur le composant surveillé et les autres composants dépendants sont stockées dans la représentation interne. Ensuite, il partage son état avec les autres agents. On entend par état d'un agent son état de dégradation, son taux de dégradation d'interaction et sa durée de vie utile restante. Ensuite, l'agent met à jour la perception de son environnement, ce qui signifie qu'il met à jour les informations sur la nouvelle architecture du système et des composants dépendants. A ce stade, toutes les informations nécessaires à la mise à jour des paramètres de la distribution de

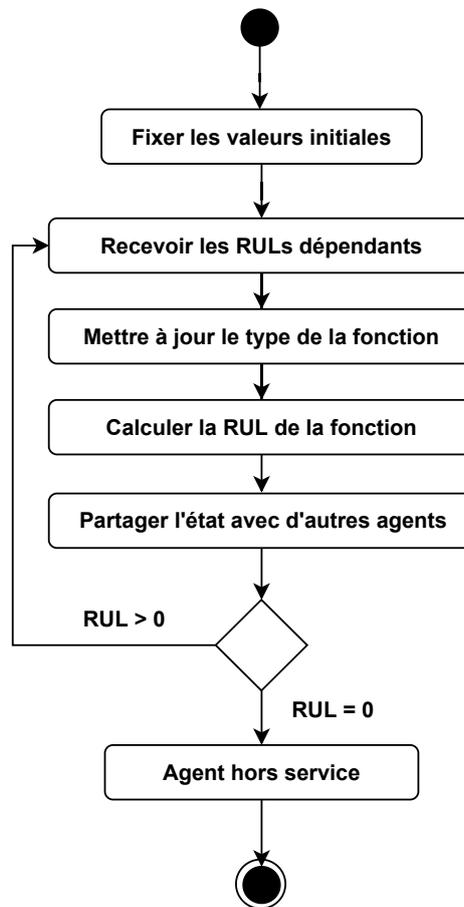


Fig. 2.13 Diagramme d'activité d'un agent de pronostic fonctionnel.

la dégradation sont disponibles. L'agent estime le nouveau RUL en fonction de l'état des composants dépendants et des informations spécifiques du composant surveillé (diagnostic, plans futurs). L'agent calcule son nouvel impact des interactions de dégradation et partage son nouvel état avec les autres agents et le processus est répété, seulement si la nouvelle RUL est égale à zéro, la composante est considérée comme hors service, l'agent informe les autres agents et se tue

Agent de Pronostic Fonctionnel

Le rôle principal de l'agent de pronostic fonctionnel est de calculer la RUL de chaque fonction en fonction de la reconfiguration actuelle. La RUL de la fonction (FRUL) dépend du type de la fonction.

La figure.2.13 décrit les différentes actions de cet agent. Comme dans le cas de l'agent LP, lorsque cet agent est créé, toutes les informations nécessaires sur le système surveillé sont stockées dans la représentation interne. Ensuite, sur la base des informations partagées

par les agents des composants de la même fonction, il met à jour la configuration et calcule le FRUL. Le FRUL dépend du type de la fonction : redondante ou simple.

Agent de Pronostic Global

L'agent de pronostic au niveau du système (S-RUL) calcule le pronostic global de tout le système. Tel que :

$$S - RUL = \min\{FRUL_f\}_{(f \in (1, \dots, m))} \quad (2.13)$$

où m est le nombre de fonctions. Si l'une des fonctions atteint son seuil, le système est considéré comme hors service.

2.6 Etude de cas

Pour illustrer notre approche, nous prenons l'étude de cas proposée dans Desforges et al. [56]. Dans cet exemple, un système fictif est composé de trois sous-systèmes (voir figure 2.14). Chaque sous-système est constitué de deux types de fonctions, simples et redondantes. Chaque fonction est composée de composants et/ou de fonctions. Pour les fonctions simples comme F1, la défaillance d'un composant entraîne la défaillance de la fonction entière. Par conséquent, les fonctions redondantes telles que la F1 redondante sont conçues pour surmonter la faiblesse des fonctions simples. La F1 redondante et la F2 redondante sont en service si au moins un de leurs composants est en service. Par exemple, même en cas de défaillance des deux composants C4 et C5, le redondant F2 est toujours en service. Cependant, si la fonction redondante F2 est hors service, les deux fonctions dépendantes F1 simple et F3 simple sont hors service même si leurs composants sont toujours en service. En outre, une dépendance structurelle est présentée entre C11 et C10, ainsi qu'entre C3 et C1. Cela pourrait être interprété comme des relations causales directes où l'entité en aval (C10) est dépendante de l'entité en amont (C11). Par exemple, la défaillance de C11 génère automatiquement la défaillance du composant C10.

Nous supposons que tous les composants sont interdépendants, et que leurs dégradations sont représentées par leur distribution cumulative de Weibull. Notre approche est flexible pour les différents paramètres de Weibull, ainsi pour chaque composant, nous démarrons la simulation à partir des valeurs initiales du paramètre d'échelle et du paramètre de forme k fourni par le fabricant ou estimé à partir de données historiques. Dans notre exemple de simulation numérique, nous choisissons des valeurs initiales aléatoires pour chaque composante à partir des valeurs réelles de l'étude de cas réel avec une variance de 0,3 de la distribution normale pour être plus proche de la réalité Chouhal et al. [72] (Tableau.2.2).

Tab 2.2 Les paramètres de Weibull pour chaque composant.

| Composant | C1 | C2 | C3 | C4 | C5 | C6 | C7 | C8 | C9 | C10 | C11 |
|-----------|-----|-----|-----|-----|-----|-----|----|-----|-----|-----|-----|
| λ | 1.9 | 1.8 | 2 | 2 | 2.1 | 1.9 | 2 | 2 | 2.2 | 2 | 2 |
| k | 2 | 2.1 | 1.9 | 3.2 | 2 | 1.8 | 2 | 2.8 | 1.5 | 1.7 | 2.1 |

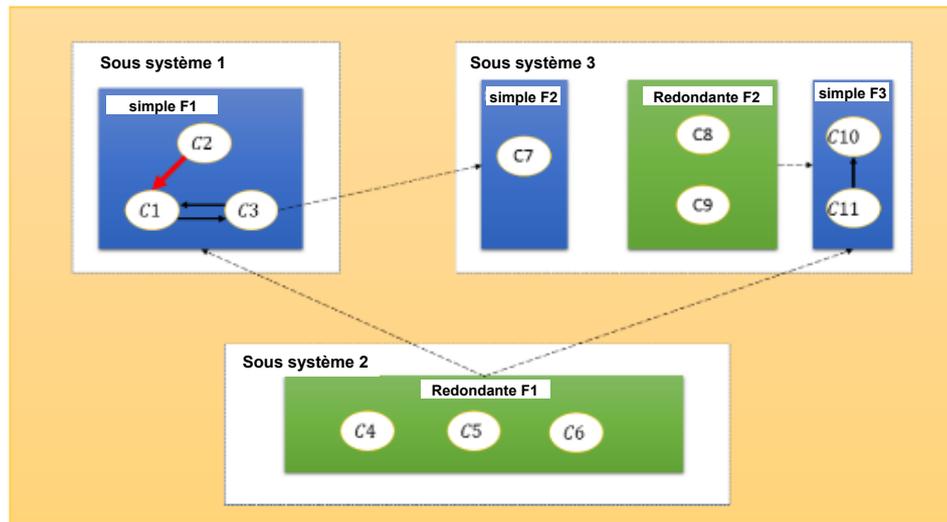


Fig. 2.14 Exemple numérique d'un système à composants multiples.

Pour appliquer correctement notre approche, nous ajoutons une dépendance stochastique entre la composante C_2 (influent) et la composante C_1 (affecté). La force initiale de la composante affectée C_1 suit la distribution normale avec une moyenne =850 MPa et un écart-type =10 MPa. Le processus de détérioration de la composante C_1 suit le processus gamma avec la fonction de forme $a(t)=at$, qui $a=0,002$, et le paramètre d'échelle =1,3. Pour les besoins de cette étude, nous considérons la simulation du processus de dégradation pour deux scénarios : (i) la première simulation considère l'absence de la dépendance stochastique entre les composantes C_1 et C_2 . (ii) la seconde simulation suppose l'existence d'une dépendance stochastique entre les composantes C_1 et C_2 . Comme mentionné précédemment, le composant influent C_2 peut être dans différents états, pour ces états de dégradation, des seuils de probabilité peuvent être définis à partir de l'essai accéléré de chaque composant ou donnés par le fabricant, ici nous définissons les seuils de probabilité $p_{c_{2,1}}$, $p_{c_{2,2}}$, $p_{c_{2,3}}$, respectivement comme 0,4, 0,7 et 0,9.

Cependant, le framework développé permet de définir le Seed comme paramètre d'entrée avant de commencer chaque cycle.

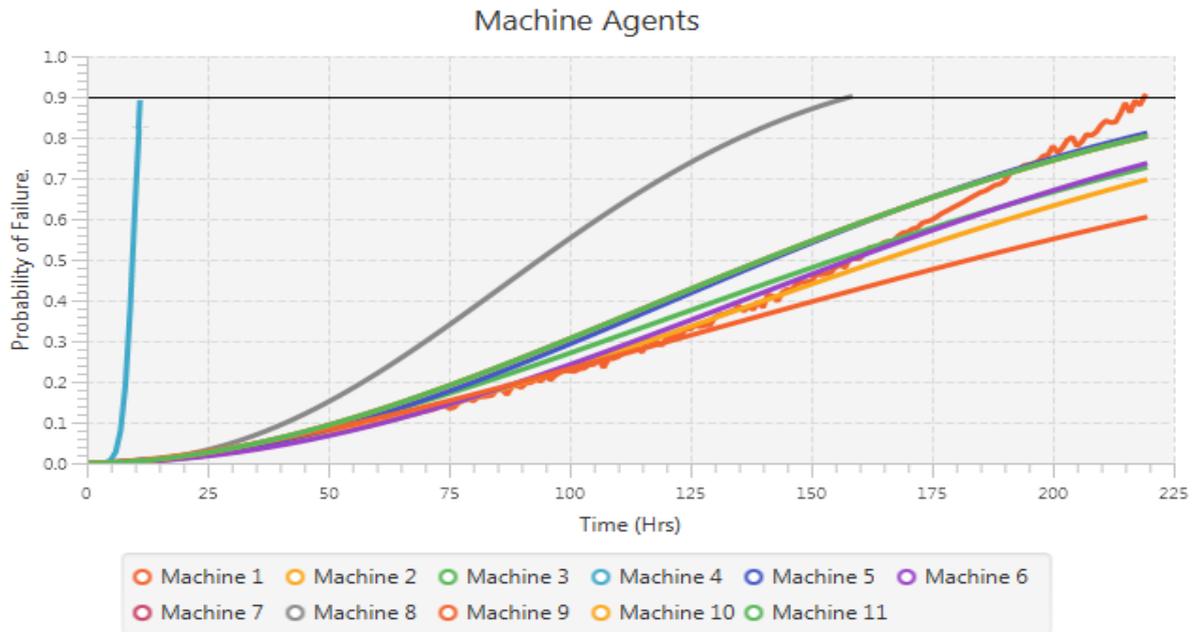


Fig. 2.16 Évolution de la dégradation des composants tenant en considération la dépendance stochastique Benaggoune et al. [2].

On peut remarquer qu'après que les composants C4 et C8 aient atteint le seuil et aient été déclarés hors service, le système est toujours en fonctionnement, les agents responsables des fonctions redondantes mettent à jour leurs structures et informent l'agent global que la fonction est toujours en service. Ainsi, le composant C1 est stochastiquement dépendant du composant C2. La transition du composant C2 influent vers des états plus dégradés affecte le taux de dégradation du composant C1 affecté. Par conséquent, l'agent de pronostic du composant C1 est responsable de la mise à jour du paramètre de forme de la distribution de Weibull au fil du temps en fonction du nouvel état du composant 2 (Figure. 2.17).

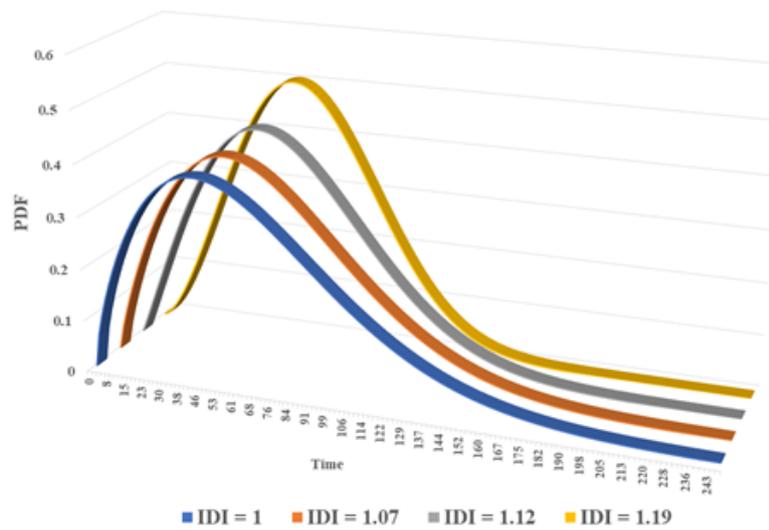


Fig. 2.17 Fonction de densité de probabilité de la composante affectée sous dépendance stochastique.

La simulation est réalisée avec et sans dépendance stochastique entre les composants. Dans la figure 2.18, nous remarquons qu'après 100 heures, la durée de vie restante du niveau du système avec dépendance stochastique commence à diminuer plus que celle sans dépendance stochastique en raison de la détérioration du composant C1 et de la transition du composant C2 vers des états plus dégradés.

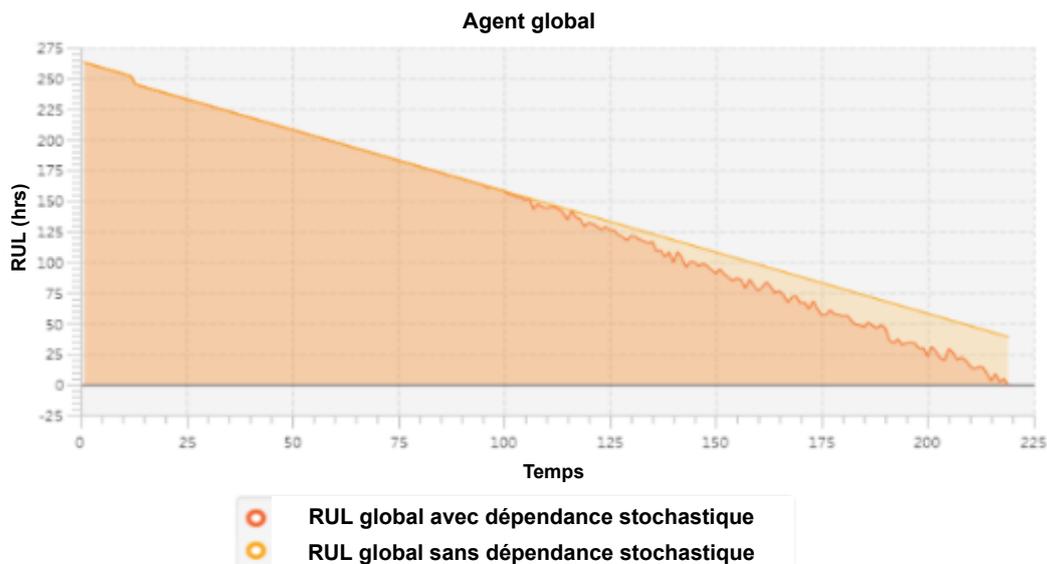


Fig. 2.18 RUL globale du système avec et sans la dépendance stochastique

De plus, la simulation de l'approche proposée indique que la précision du S-RUL est affectée par l'effet de dépendance stochastique au niveau des composants. On peut également noter qu'une plus grande interaction de dégradation peut diminuer le S-RUL, ce qui est le cas dans l'étude présentée où le système se décompose en 220 heures alors qu'il reste 48 heures sans prendre en compte les interactions de dégradation (dépendance stochastique). En outre, le principal avantage de l'approche proposée est le test automatique de différentes configurations et de leurs effets sur le S-RUL. La simulation est réalisée avec différents paramètres de forme du composant C2 qui influe, et les résultats du S-RUL sont représentés sur la figure 2.19. Il est clair que l'effet indirect de la composante influente sur le S-RUL est important, en particulier avec les composantes à taux de défaillance élevé.

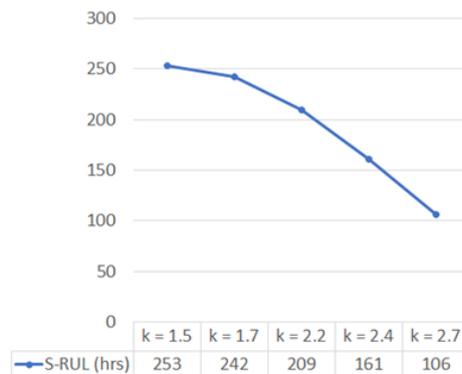


Fig. 2.19 Impact de la composante d'influence sur la RUL globale du système: la simulation de la RUL globale avec différentes valeurs du paramètre de forme k du composant C2.

2.8 Discussion

Les solutions distribuées pour le pronostic sont abordées de différents côtés, en recherchant le lien avec la fonction de diagnostic Saha et al. [26], en propageant les facteurs de santé des composants par une fonction de cartographie Rodrigues [57], ou en modélisant la structure distribuée des composants Desforges et al. [56]. Dans ce travail, le pronostic distribué est étendu pour couvrir également les interactions stochastiques de dégradation entre les composants. Cependant, l'inclusion d'un plus grand nombre de paramètres peut générer une plus grande complexité, c'est pourquoi l'approche holonique basée sur les agents est utilisée pour rester plus proche du niveau des composants et réduire la complexité des interactions. Cependant, la simulation dans l'étude présentée n'inclut pas la mise à jour en temps réel de la dégradation basée sur les données de surveillance. Les informations provenant des données de surveillance pourraient aider à intégrer différentes variables et décisions aléatoires dans le processus d'estimation S-RUL. En outre, les paramètres de dépendance sont censés être

définis par un expert. Toutefois, l'approche proposée pourrait aider l'expert en tant qu'outil de simulation à analyser l'impact de différents seuils sur la RUL au niveau du système et à fixer les seuils appropriés sur la base d'autres données d'essai réelles.

En outre, l'approche holonique peut étendre l'agent de pronostic global pour en faire une petite entité à d'autres niveaux de gestion, comme la maintenance prédictive ou les tâches conjointes de maintenance/planification. Récemment, avec l'avancée de l'industrie 4.0, des machines sont connectées et équipées de différents capteurs Benayache et al. [83], et la fonction de pronostic est davantage orientée vers des approches basées sur les données. L'étude présentée n'est pas adaptée à ce type de dépendances des données et des pronostics. De plus, bien qu'il semble difficile d'extraire la dépendance de dégradation uniquement des données acquises, le succès de l'apprentissage approfondi dans l'analyse des données ouvre la porte à l'étude des dépendances pronostiques basées sur les données.

2.9 Conclusion

Dans ce chapitre, nous avons abordé le pronostic du système à composants multiples avec les interactions de dégradation entre eux. L'approche proposée du système holonique multi-agent de pronostic (SMA-Prog) traite la complexité du système et permet de prédire la durée de vie résiduelle avant la défaillance au niveau de système. Ainsi, le SMA-Prog est autonome et flexible grâce aux capacités de coordination, de négociation et de perception de l'environnement des agents. A travers un exemple numérique, SMA-Prog peut prédire la S-RUL en tenant compte de nombreux types de dépendances, comme nous l'avons montré que la dégradation stochastique entre les composants peut affecter les résultats pronostiques au niveau du système lorsque les composants transitent vers des états plus dégradés. Cependant, l'utilisation d'un paradigme multi-agents dans les processus industriels est complexe en raison de la variété des technologies et des protocoles de communication. Récemment, l'Internet des objets, avec sa flexibilité et son interopérabilité, a gagné en popularité dans le domaine industriel. La combinaison de l'approche proposée avec des études récentes sur l'internet des objets peut réduire le temps d'interaction et intégrer facilement un ensemble hétérogène de composants. En outre, l'approche proposée peut être étendue pour être appliquée à des solutions de décision post-prognostique, où l'agent S-RUL peut interagir, communiquer et se coordonner avec d'autres agents de haut niveau pour accomplir une tâche commune.

Chapitre 3

DeepAgent: Un agent de Pronostic Local à base de données

Résumé

L'une des tâches les plus importantes du processus PHM est la prédiction de la durée de vie résiduelle (RUL) de la machine. En effet, une prédiction précise de la RUL permet d'anticiper les pannes et d'améliorer la disponibilité et la fiabilité de la machine. Sous l'impulsion de l'émergence du concept d'industrie 4.0 et des technologies Big Data industrielles, les solutions de prédiction pilotées par les données ont attiré davantage d'attention ces dernières années. Deux phases sont identifiées pour les techniques de prédiction de RUL pilotées par les données : le prétraitement des données et l'apprentissage du modèle. Traditionnellement, ces phases sont menées séparément, ce qui a un impact sur le résultat final en raison de la perte d'informations. Dans ce chapitre, un nouvel agent de pronostic local piloté par les données est proposé pour l'estimation de la RUL. Cet agent effectue à la fois le prétraitement et l'apprentissage du modèle. Cependant, pour les applications en temps réel, les techniques présentées souffrent du compromis performance/temps d'exécution. Par conséquent, dans ce chapitre, une nouvelle approche d'apprentissage profond est étendue à partir du domaine du traitement du langage naturel pour effectuer une prédiction de RUL pilotée par les données en temps réel.

3.1 Introduction

Ce chapitre passe en revue l'état de l'art sur l'évolution des techniques de pronostic, en commençant par les techniques traditionnelles jusqu'aux techniques avancées d'apprentissage

profond. Ensuite, les limites de ces techniques sont mises en évidence et une structure hybride d'un réseau de neurones temporel avec un agent adaptatif est proposée comme solution. Enfin, une étude de cas d'un turboréacteur est utilisée pour valider notre approche.

3.2 Etat de l'art

La prédiction de RUL basée sur les données est un problème bien étudié pour lequel de nombreuses techniques ont été proposées. Pour identifier et comprendre les besoins dans ce domaine, il est essentiel de tracer l'évolution de ces techniques tout en énumérant leurs avantages et inconvénients. Dans cette section, nous proposons d'examiner cette évolution tout en révélant la raison de l'apparition de chaque nouvel algorithme. Sur la base de cette analyse, les écarts de recherche sont identifiés et utilisés pour définir l'énoncé du problème.

3.2.1 Techniques traditionnelles

Avec de plus en plus de signaux de capteurs, les modèles de prédiction de durée de vie utile basés sur les données sont largement appliqués dans le domaine de la PHM. Les approches classiques basées sur les données se divisent en deux catégories : les modèles d'extrapolation et les modèles statistiques. Les modèles d'extrapolation sont généralement utilisés pour ajuster une courbe de l'évolution de la dégradation d'un système par régression, puis extrapoler cette courbe jusqu'au seuil de défaillance pour obtenir la RUL entre le temps de défaillance réel et le temps de défaillance prévu Le Son et al. [84]. Les modèles statistiques relient la probabilité de défaillance d'un système à son indicateur de dégradation à partir des données recueillies sur la maintenance conditionnelle et les défaillances Wang et al. [85]. Dans Ordóñez et al. [86], les auteurs ont proposé un modèle hybride ARIMA-SVM pour la prédiction de la RUL. Tout d'abord, un modèle ARIMA est utilisé pour prédire à l'avance les signaux des capteurs. Ensuite, un modèle SVM est développé pour prédire la RUL sur la base des signaux prédits des capteurs. Les auteurs de Chehade et al. [87] ont également développé une formulation quadratique convexe pour combiner les modèles pondérés des unités historiques, reproduisant ainsi le modèle bayésien de dégradation actualisé des entités opérationnelles. Une approche basée sur un modèle de Markov caché continu est proposée pour la prédiction de la RUL dans Wang and Wang [88]. Dans Wu et al. [89], les auteurs ont proposé une nouvelle approche de dégradation en trois étapes basée sur les données de temps de défaillance. Tout d'abord, les caractéristiques de dégradation sont extraites, puis l'étape de réduction des caractéristiques est réalisée à l'aide d'une analyse en composantes principales. Enfin, un algorithme bayésien empirique est utilisé pour prédire le temps avant

défaillance. Dans Bouzenita et al. [90], une nouvelle approche de fusion et de sélection est proposée pour prédire avec précision la durée de vie utile restante. Le schéma de fusion est construit sur la combinaison des résultats fournis par un ensemble de modèles de régression à processus gaussien. Chaque régresseur est caractérisé par sa fonction de covariance et ses hyperparamètres initiaux. Dans Khelif et al. [91], une relation directe entre les valeurs des capteurs et les indicateurs de santé est modélisée à l'aide de la régression par vecteur de support. Grâce à cette procédure, il est possible d'estimer la RUL à tout moment du processus de dégradation. Un schéma d'apprentissage piloté par les données, basé sur un "extreme sequential online learning machine" algorithme est proposé pour prédire la RUL Berghout et al. [92]. Une nouvelle technique de mappage des caractéristiques basée sur des auto-encodeurs empilés est proposée pour améliorer la représentation des caractéristiques par une reconstruction précise. Ensuite, une nouvelle fonction d'oubli dynamique est introduite pour améliorer le suivi dynamique des nouvelles données futures.

Les modèles statistiques basés sur des données sont généralement plus précis, plus rapides et moins coûteux à déployer que les modèles traditionnels basés sur la physique. Il faut également noter qu'ils ne nécessitent pas une compréhension physique complète de l'unité. Cependant, ces techniques nécessitent de multiples étapes de prétraitement et des indicateurs de santé avant de prédire les RUL, ce qui les rend complexes et trop liées aux données surveillées. Par conséquent, pour surmonter ces problèmes, des techniques basées sur l'apprentissage profond ont été proposées.

3.2.2 Techniques basées sur l'apprentissage profond

Contrairement aux modèles d'apprentissage automatique conventionnels et basés sur les statistiques, le réseau neuronal récurrent (RNN) Sarih et al. [93], une technique d'apprentissage profond, a montré des améliorations significatives dans la capture des relations non linéaires complexes entre les entrées et les sorties et les dépendances à court terme dans les séries chronologiques. Les auteurs de Yu et al. [94] ont proposé un nouveau schéma basé sur les données des capteurs pour estimer la RUL. L'ensemble de la procédure se compose de deux étapes : tout d'abord, un auto-encodeur bidirectionnel basé sur un RNN est entraîné de manière non supervisée pour réduire la taille des données multicapteurs et construire l'indice de santé unidimensionnel. Dans un deuxième temps, une approche basée sur la similarité est réalisée pour prédire la RUL. Un indicateur de santé récurrent basé sur les réseaux neuronaux (RNN-HI) pour prédire les roulements RUL est proposé dans Guo et al. [95]. Tout d'abord, six caractéristiques de similarité de relation sont proposées pour être combinées avec huit caractéristiques classiques de temps-fréquence. Sur la base de mesures de monotonie et de corrélation, une sélection des caractéristiques les plus sensibles est effectuée à partir de

l'ensemble original de caractéristiques. Enfin, les caractéristiques sélectionnées sont introduites dans un réseau neuronal récurrent pour construire le RNN-HI. Le RNN est caractérisé par une perte de mémoire à certains moments et par un problème de gradient de fuite lors du traitement de longues séquences. Par conséquent, le réseau de mémoire à long et court terme (LSTM), une variante du RNN, est adapté pour éviter les problèmes de gradient de vanishing et d'explosion Hochreiter and Schmidhuber [96]. Dans le réseau LSTM, les entrées peuvent être mémorisées à travers les états des cellules dans le temps. De plus, les mémoires sont régulées par la conception unique à trois portes du LSTM, à l'intérieur et à l'extérieur de la cellule. Ainsi, les problèmes de disparition et d'explosion peuvent être résolus puisque les informations pertinentes et essentielles sont conservées pendant une longue période. Les modèles LSTM ont prouvé leur efficacité dans plusieurs études lorsqu'il s'agit de traiter des données séquentielles, ce qui a conduit à proposer différentes architectures. Dans ce contexte, les performances du LSTM sont comparées à celles du RNN standard et du LSTM à unités récurrentes gérées (GRU) pour l'estimation de la RUL dans Wu et al. [97]. Dans le cas de Zhang et al. [98], le LSTM a été combiné à la rétropropagation résiliente, à l'abandon et à la simulation Monte Carlo pour la prédiction de la RUL de la batterie. Les auteurs de Elsheikh et al. [99] ont proposé une nouvelle architecture LSTM lorsque de courtes séquences d'observations surveillées avec une usure initiale aléatoire sont données. Un modèle basé sur le LSTM pour l'estimation de la RUL a été présenté dans Zheng et al. [100]. Des couches multiples de cellules LSTM et des couches d'anticipation standard sont utilisées pour détecter des modèles cachés et apprendre des caractéristiques complexes à partir des données des capteurs et des opérations avec de multiples conditions de fonctionnement.

Récemment, les architectures CNN (Convolutional Neural Network) ont été utilisées en particulier pour l'estimation des RUL. Les techniques CNN ont été introduites pour extraire des connaissances directement à partir des données d'entrée. L'originalité de ces techniques réside dans leur capacité à réaliser conjointement le prétraitement des données et les étapes d'apprentissage du modèle. Les techniques CNN sont principalement utilisées comme prédicteur unique dans une tâche d'autorégression ou comme extracteur de caractéristiques avant un RNN pour la prédiction de la RUL. En tant que prédicteur unique, Babu et al. [101] a proposé une approche de régression basée sur le CNN profond pour estimer la RUL, où la technique de la fenêtre de temps est utilisée pour la préparation de l'échantillon afin de fournir une meilleure extraction de caractéristiques par le CNN. Ensuite, l'estimation de la valeur RUL associée est effectuée sur la base des représentations apprises. Une nouvelle méthode a été proposée pour prédire les roulements RUL en se basant sur le CNN : Ren et al. [102]. Une technique d'extraction de caractéristiques est présentée pour obtenir le vecteur propre, appelé vecteur spectre-primaire-énergie. Ensuite, une méthode de lissage est

proposée pour traiter la discontinuité des résultats de prédiction. D'autre part, certains travaux combinent les avantages de l'extraction automatique de caractéristiques avec l'apprentissage de séquences courtes par RNN. Par exemple, An et al. [103] a introduit un modèle hybride qui associe un CNN à un réseau LSTM bidirectionnel et unidirectionnel empilé, appelé CNN-SBULSTM, pour la prédiction de RUL. Le CNN est d'abord utilisé pour l'extraction de caractéristiques locales et la réduction de la dimension. Ensuite, le réseau SBULSTM est conçu pour débruiter et encoder les informations temporelles. Enfin, des couches entièrement connectées sont construites comme module de régression.

3.2.3 Techniques basées sur les réseaux convolutifs temporels

Les CNN profonds conventionnels sont conçus pour fonctionner exclusivement sur des données 2D telles que des images et des vidéos. Leur application à l'estimation des RUL considère les données (étapes, caractéristiques) comme une image 2D et applique aux données un CNN 2D avec un noyau de taille identique à la longueur des caractéristiques. Alternativement, une nouvelle version des CNNs appelée 1D Convolutional Neural Networks (1D CNN) a été récemment conçue et développée : Kiranyaz et al. [104]. Des études ont démontré, pour certaines applications, que les CNN 1D sont meilleurs et donc plus adaptés que les CNN 2D pour traiter les signaux 1D, et ce pour plusieurs raisons. Premièrement, les CNN 1D nécessitent de simples opérations matricielles, ce qui rend leur complexité de calcul beaucoup plus faible que celle des CNN 2D. Des études ont également montré que les CNN 1D avec un nombre relativement faible de couches cachées et de neurones peuvent apprendre des tâches difficiles impliquant des signaux 1D, ce qui les rend beaucoup plus faciles à former et à mettre en œuvre. Enfin, les CNN 1D sont facilement mis en œuvre sur un ordinateur à processeur standard Kiranyaz et al. [105]. Par exemple, Al-Dulaimi et al. [106] ont proposé un réseau neuronal profond hybride (HDNN) avec deux voies parallèles. Le premier chemin est développé sur la base du réseau LSTM, tandis que le second chemin est basé sur le CNN 1D suivi d'un centre de fusion pour combiner leurs sorties et estimer la RUL. Li et al. [107] ont présenté un réseau de graphes dirigés acycliques (DAG), où la combinaison est faite organiquement au lieu d'utiliser simplement le CNN pour l'extraction de caractéristiques. Les caractéristiques extraites de la combinaison parallèle de CNN et de LSTM sont ensuite combinées et introduites dans un autre LSTM, puis dans des couches entièrement connectées pour prédire la RUL. Une nouvelle variante de LSTM appelée Embedded Convolutional LSTM (ECLSTM) est proposée pour exploiter les informations temporelles à plusieurs niveaux Zhou et al. [108]. Dans l'ECLSTM, un groupe de différents CNN 1D est intégré dans la structure du LSTM. Ainsi, l'information temporelle est préservée entre et dans les fenêtres.

Cependant, le LSTM est moins efficace pour traiter les séquences à long historique. C'est pourquoi, récemment, un réseau convolutif temporel (TCN) a été proposé Bai et al. [109]. Le TCN est un modèle de prédiction séquentielle conçu pour apprendre les dépendances temporelles cachées dans les séquences d'entrée. Les architectures telles que les couches de convolution causale dilatées et la connexion résiduelle utilisées dans le TCN le rendent plus efficace que le CNN pour la prédiction de données séquentielles. Dans Chen et al. [110], un TCN est utilisé pour étendre la longueur du champ réceptif du réseau pour l'estimation de la RUL. La taille de la fenêtre temporelle adoptée pour le traitement de la séquence temporelle est la même que la longueur du champ réceptif. Wang et al. [111] a présenté les techniques de prédiction de la RUL pour les vannes électriques des centrales nucléaires avec le TCN. L'efficacité de la TCN proposée est améliorée en incorporant un autoencodeur de convolution comme couche de prétraitement dans sa structure, ce qui a considérablement amélioré le mode de convolution résiduel. Yang et al. [112] ont proposé une nouvelle méthode d'apprentissage profond pour l'estimation de la RUL basée sur la décomposition temporelle empirique (EMD) et la TCN. Le cadre proposé peut révéler efficacement les caractéristiques non stationnaires des signaux de dégradation des roulements et capturer les signaux de dégradation en série temporelle, c'est-à-dire les fonctions de mode intrinsèques, par décomposition empirique des modes.

3.3 Contribution

Le principal défi pour le pronostic en temps réel à base de données est d'obtenir une précision acceptable dans un intervalle de temps court. Dans notre proposition, pour réduire la complexité des systèmes complexes, chaque composante du système est supervisée par un agent local. Par contre, l'utilisation des agents en temps réel nécessite une modélisation spécifique pour accomplir la tâche avec un bon équilibre performance/temps. La majorité des solutions proposées pour la prédiction de la RUL sont coûteuses en termes de temps pour avoir une bonne performance, et l'inverse est aussi vrai. Dans ce travail, une hybridation entre la modélisation agent et l'apprentissage profond est élaborée pour tirer les avantages des deux frameworks, et surtout de la nouvelle structure des réseaux de neurones temporelles qui assurent une bonne performance dans un temps acceptable.

La formulation du problème de la RUL pilotée par les données est simplement un tableau unidimensionnel multivarié de pas de temps et de caractéristiques. Une fonction de mappage est ensuite définie pour associer chaque enregistrement à l'instant t à un résultat basé sur les observations précédentes. Une approche simple consisterait à modéliser la valeur suivante à l'aide d'une transformation de la taille de la fenêtre des valeurs précédentes, ce qui correspond

simplement à un réseau neuronal autorégressif. Par conséquent, l'entraînement par taille de fenêtre est effectué en divisant les enregistrements en parties appropriées d'entrées et de cibles.

Cependant, comme nous ne prévoyons qu'une seule étape par passage de feed-forward, un échantillon d'entraînement nécessite un long temps d'itération, sans parler de toutes nos données. L'apprentissage serait accélérée si les étapes suivantes pour un échantillon de L'apprentissage entier pouvaient être prédites en une seule passe de feed-forward. Pour cela, les mêmes poids devraient être appliqués à chaque partie des étapes temporelles dans la trame d'entrée, ce qui est exactement ce que fait une couche CNN 1D avec `kernel_size =` taille de la fenêtre.

Comme expliqué précédemment, il n'est pas nécessaire de diviser les données en plusieurs parties pour effectuer une prédiction RUL, alors que le CNN 1D peut le faire en un seul feed-forward. Les travaux connexes discutés précédemment ont mis en évidence les lacunes de la littérature liées au problème étudié. La première lacune est qu'aucune des études sur la prédiction de la RUL ne permet un apprentissage de bout en bout en une seule avance. Les études précédentes sur la prédiction de la RUL appliquent un CNN 1D sur des données divisées en parties avec une fenêtre de temps fixe, ce qui augmente le temps d'apprentissage, la perte d'information et, par conséquent, la faiblesse des résultats de prédiction.

Dans ce chapitre, nous cherchons à tirer pleinement parti de la TCN en effectuant une prédiction RUL de séquence à séquence en une seule itération pour toutes les instances jusqu'à la fin de vie. Une inspiration du réseau de neurones Wavenet largement utilisé dans le domaine de traitement de langage est suivie pour le projeté dans un contexte de séries temporelles Oord et al. [113]. Le principal avantage est que l'opération de filtrage dans le CNN 1D est considérée comme une extraction automatique d'indicateurs de santé (HI). De plus, en prenant toutes les instances en une seule fois, le modèle TCN peut être entraîné sur une longue séquence historique grâce aux opérations de causalité et de dilatation qui assistent l'expansion du champ réceptif. La section suivante présente une formulation du problème de prédiction des RUL. Sur la base de cette formulation, la méthodologie SS-TCN proposée est détaillée, et son originalité est discutée.

3.4 Réseau de Neurones Temporel: TCN

Les CNN sont constitués de couches convolutives, de couches de mise en commun et de couches entièrement connectées. Les couches convolutionnelles sont chargées d'extraire de multiples caractéristiques des données d'entrée. Les couches de mise en commun sont appliquées pour réduire la quantité de données et les ressources informatiques. Les couches

entièrement connectées effectuent ensuite une prédiction. En tant que type de CNN, le TCN est un réseau neuronal convolutif avec une conception particulière qui traite avec précision les séries chronologiques. Le TCN applique un filtre de convolution à la sortie de la couche précédente. Par rapport aux couches denses, où la sortie d'un seul neurone est un nombre unique reflétant l'activation, la sortie du filtre de convolution est une carte d'activation de la même longueur que l'entrée. Si les couches précédentes ont une longueur plus courte que les couches suivantes, une longueur de remplissage de zéro est ajoutée aux couches précédentes pour correspondre à la même taille. Par exemple, si l'entrée est une série temporelle univariée, la sortie sera une série temporelle dans laquelle chaque point de la séquence résulte du filtre de convolution. La convolution unidimensionnelle (1D CNN) est utilisée pour traiter des données séquentielles.

3.4.1 1D CNN

Les CNN 1D peuvent traiter efficacement une longue séquence. Les CNN 1D ont la particularité de partager la même combinaison linéaire en la faisant glisser sur toute l'entrée (Fig. 3.1). Cela permet de réduire considérablement le nombre de poids dans la couche. C'est pourquoi le nombre de paramètres entraînaables ne dépend que de la taille du filtre de convolution et du nombre d'unités, mais pas de la taille de l'entrée. Eq.3.1 montre le fonctionnement du CNN 1D :

$$O(i) = (I \times K)(i) = \sum_j I(i+j)K(j) \quad (3.1)$$

où $I(\cdot)$ désigne les données d'entrée, $K(\cdot)$ est le noyau de la convolution unidimensionnelle, et $O(\cdot)$ indique le résultat de l'opération de convolution.

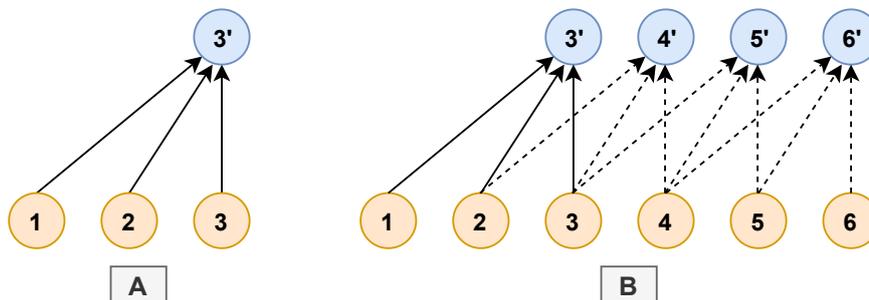


Fig. 3.1 Calcul parallèle d'un CNN 1D. A: une couche dense avec trois entrées. B: 1D CNN, un CNN unidimensionnel avec une taille de noyau = 3.

3.4.2 Causal

TCN est contraint de ne pas avoir de fuite du futur vers le passé. Ceci est réalisé en utilisant des convolutions causales, c'est-à-dire des convolutions où la sortie au temps t est seulement convoluée avec des éléments du temps t et avant la couche précédente Bai et al. [109]. Une convolution causale simple peut seulement regarder l'histoire avec une taille linéaire dans la profondeur du réseau. Un inconvénient important de cette conception de base est que pour obtenir une taille d'historique suffisamment longue, nous avons besoin d'un réseau extrêmement profond ou de filtres très grands, les deux n'étant pas particulièrement réalisables dans les études de cas réelles Oord et al. [113].

3.4.3 Dilation

Les convolutions dilatées permettent un champ réceptif exponentiellement grand en sautant les valeurs d situées entre les entrées convolutives Yu and Koltun [114]. Les convolutions dilatées étendent le champ réceptif du réseau sans appliquer d'opérations de pooling, évitant toute perte de résolution Yu and Koltun [114]. L'opération de convolution causale entièrement diluée sur des couches consécutives peut être formulée comme suit : Lara-Benítez et al. [115] :

$$x_l^t = g \left(\sum_{k=0}^{K-1} w_l^k x_{(l-1)}^{(t-(k*d))} + b_l \right) \quad (3.2)$$

où x_l^t est la sortie du neurone à la position (t) dans la couche $l - th$; K est la largeur du noyau convolutif ; w_k^l représente le poids de la position (k) ; d est le facteur de dilatation de la convolution ; et b_l est le terme de biais. La figure 3.2 montre une pile de CNN 1D avec causalité et dilatation. Il ressort clairement de la figure que le champ réceptif de sortie de la figure 3.2 est fonction du taux de dilatation d et de la taille du noyau.

3.4.4 Bloc résiduel

Puisque les TCN peuvent traiter de longs historiques avec un grand champ réceptif, la stabilité des TCN plus profonds et plus grands devient importante. Par conséquent, nous utilisons un module résiduel générique au lieu d'une couche convolutive dans la conception de notre modèle TCN générique. Dans un bloc résiduel, la sortie d'un chemin vers une série de transformations est ajoutée à l'entrée x du bloc He et al. [116] :

$$o = Activation(x + F(x)) \quad (3.3)$$

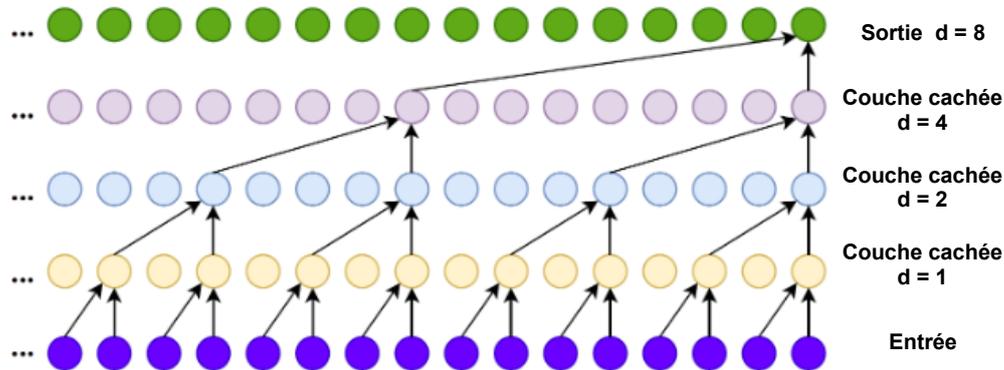


Fig. 3.2 Réseau convolutif causal dilaté.

Où F est une série de fonctions de transformation ; en effet, cela permet aux couches d'apprendre des changements dans la cartographie de l'identité plutôt que de la transformation complète.

3.5 DeepAgent

L'une des promesses de la modélisation à base d'agents est de permettre aux agents adaptatifs de prendre des décisions dans des environnements changeants. Les agents adaptatifs ont déjà été étudiés dans le cadre de l'apprentissage automatique (ML) - un domaine de l'intelligence artificielle qui s'intéresse à l'adaptation et à la construction de modèles internes. Avec un modèle basé sur les agents, il est possible de surveiller un comportement composite et auto-émergent. Si nous pouvons fournir un modèle piloté par les données pour l'estimation de la RUL du composant surveillé, nous pourrions étudier comment le changement de l'état de santé du composant est basé sur les données en temps réel. Sur cette base, nous pourrions estimer la RUL de manière itérative à chaque pas de temps avec une précision croissante.

3.5.1 Modélisation du DeepAgent

Dans ce chapitre, nous proposons DeepAgent, une combinaison entre la modélisation basée sur les agents et une approche d'apprentissage profond pour l'estimation des RULs. Le DeepAgent peut être décomposé en deux cycles principaux. Le premier cycle est le cycle standard du modèle à base d'agents et peut être décomposé en trois étapes : (1) initialiser le monde et une population d'agents, (2) DeepAgent observe le composant surveillé, (3) DeepAgent met à jour son modèle interne du composant surveillé en fonction des nouvelles données, (4) DeepAgent prend des actions en fonction des observations actuelles, et le modèle se répète en revenant à (2). Le cycle de DeepAgent est illustré à la figure 3.3.

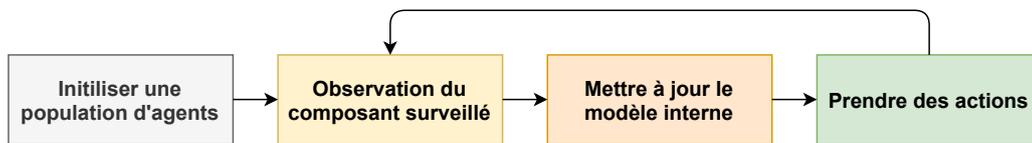


Fig. 3.3 Le premier cycle du DeepAgent. Un processus itératif pour surveiller le composant en temps réel.

Le deuxième cycle particulier, illustré à la figure 3.4, est le cycle d'apprentissage profond et peut également être décomposé en deux étapes importantes :

Hors ligne:

- prétraitement des données,
- division des données,
- normalisation des données,
- Apprentissage et évaluation du modèle

En ligne :

- Acquisition et sauvegarde des nouvelles données, si le seuil de mise à jour du modèle est atteint, le processus hors ligne est appelé.,
- En mode prédiction, les nouvelles données sont prétraitées.,
- Les nouvelles données sont normalisées,
- Le modèle déjà formé est utilisé pour la prédiction de la RUL.

De toute évidence, les deux cycles sont assez simples d'un point de vue générique, et leur intégration n'est donc pas très difficile. Cependant, la manière dont cette intégration est accomplie en pratique peut être réalisée de plusieurs façons différentes. Dans le DeepAgent proposé, nous avons choisi d'explorer le cycle d'apprentissage profond comme un moteur de raffinement de modèle pour le DeepAgent. Ainsi, le cycle intégré interrompt son flux standard à l'étape 3 en envoyant des données au cycle d'apprentissage profond pour gérer le raffinement du modèle. L'expert peut définir le seuil pour effectuer une nouvelle mise à jour du modèle en fonction des données entrantes en temps réel. Le DeepAgent peut être modélisé comme un prédicteur qui met à jour l'estimation de l'état de santé pour chaque nouvelle donnée ou utiliser les nouvelles données pour mettre à jour l'ensemble du modèle. Cette dernière solution est connue sous le nom d'apprentissage en ligne, qui comporte de nombreux défis pour la convergence du modèle.

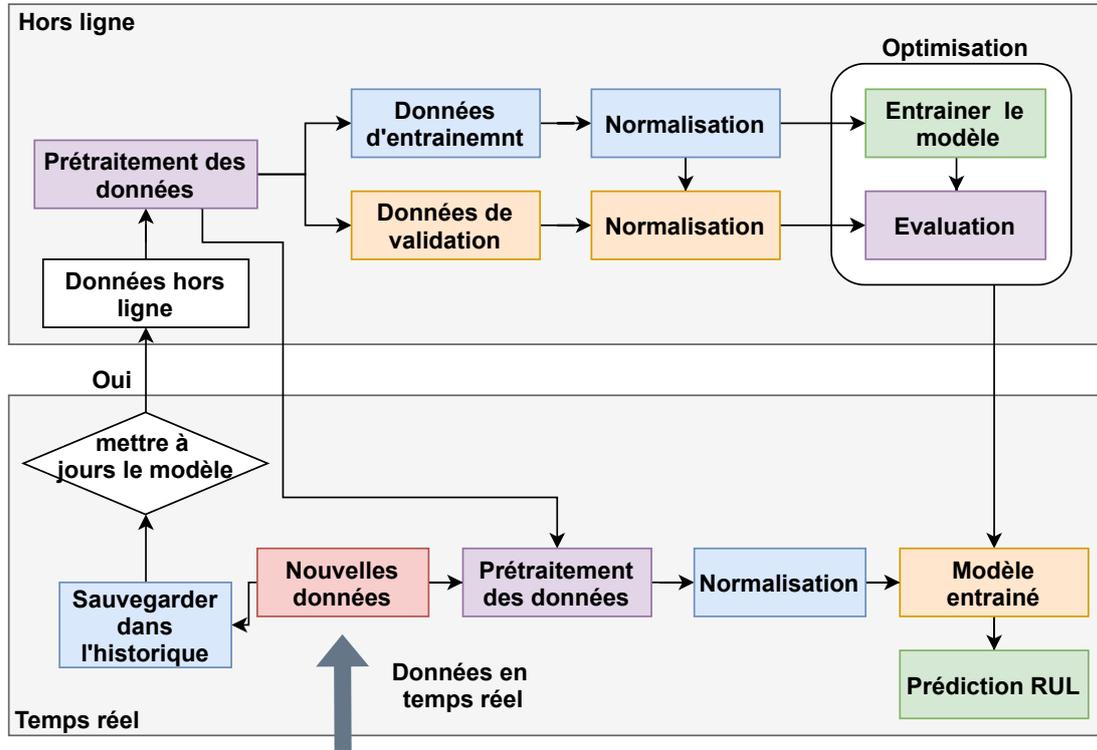


Fig. 3.4 Le deuxième cycle du DeepAgent. Un apprentissage hors ligne du modèle utilisé en temps réel pour la prédiction de la RUL.

3.5.2 Approche d'apprentissage profond pour le DeepAgent

Notre approche s'inspire des récentes architectures convolutives pour les données séquentielles : Oord et al. [113], Bai et al. [109]. La méthode SS-TCN proposée est principalement composée de quatre segments, la génération de données séquentielles (prétraitement), la normalisation, le module TCN causal dilaté et le module de prédiction (Figure.3.5). La génération de données séquentielles avec zéro paddings est utilisée pour générer des données temporelles séquentielles à partir de plusieurs capteurs. Le module TCN utilise ensuite une série de réseaux de convolution 1D dilatés causaux pour effectuer une prédiction de séquence à séquence. La séquence prédite à cette étape peut être considérée comme un indicateur de santé (HI) automatiquement extrait des données de séries temporelles. Enfin, deux couches denses avec la fonction d'activation ReLU sont utilisées pour prédire la RUL.

Prétraitement des données: génération de données séquentielles

Dans ce travail, et en tirant parti du calcul parallèle du CNN 1d, toutes les données de signal sont complétées par un zéro au plus grand signal de l'ensemble de données. Ensuite, une prédiction de séquence à séquence est effectuée pour toutes les observations en même

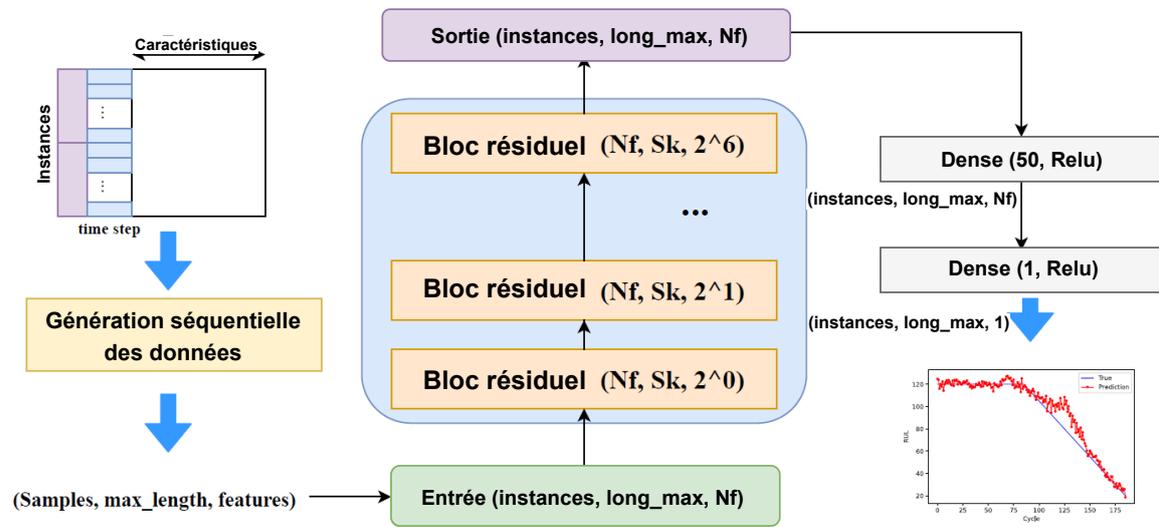


Fig. 3.5 Approche proposée pour l'estimation de la RUL sans fenêtre glissante.

temps. Par conséquent, la forme des données d'entrée est (échantillons, longueur max., caractéristiques), et les données de sortie sont (échantillons, longueur max., 1), où les échantillons sont les unités dans l'ensemble de données, la longueur max. est le pas de temps maximum, et les caractéristiques sont les observations des capteurs. La sortie de chaque échantillon ou unité est un vecteur des RUL prédits de toutes les instances.

Normalisation

Pour L'apprentissage des modèles d'apprentissage automatique efficaces. La normalisation des données d'entrée brutes est assez courante pour faciliter le traitement ultérieur des données et la convergence rapide de l'apprentissage. La normalisation est nécessaire pour unifier les valeurs à l'intérieur d'une plage spécifique et garantir une implication impartiale des relevés de chaque capteur. À cette fin, on utilise la normalisation Min-Max, c'est-à-dire:

$$\bar{x}_i = \frac{x_i - \min(x_i)}{\max(x_i) - \min(x_i)} \quad (3.4)$$

où \bar{x}_i et x_i , désignent les données mises à l'échelle et la séquence temporelle pour le i th capteur. Il convient de souligner que la normalisation des données dans la même plage, qui est $[0,1]$ dans notre cas, garantira une participation égale de toutes les caractéristiques liées à toutes les conditions de fonctionnement.

Modèle TCN

Les données de séries temporelles multi-canaux sont construites à l'étape précédente pour intégrer les informations de dégradation provenant de différents capteurs. Comme chaque canal représente une séquence de capteurs, les données de chaque canal sont corrélées dans le temps puisqu'elles sont capturées par le même capteur et reflètent la progression de la défaillance d'un composant surveillé au cours du temps de fonctionnement. Bien que les observations précédentes soient essentielles pour prédire l'état des composants surveillés, il est toujours difficile d'extraire des informations significatives. À cette étape, une pile de convolutions causales dilatées est utilisée pour extraire ces informations. Un petit noyau est utilisé pour extraire l'information locale, qui est propagée par la dilatation et les connexions résiduelles pour construire l'information globale. Le bloc résiduel est composé de deux CNN 1D dilatés et causaux empilés avec une fonction d'activation Relu. Un bloc d'identité CNN 1X1 est également utilisé pour assurer la même taille de la sortie que de l'entrée. Le champ réceptif défini à ce bloc est simplement égal à deux fois le taux de dilatation de la dernière couche (Figure. 3.6).

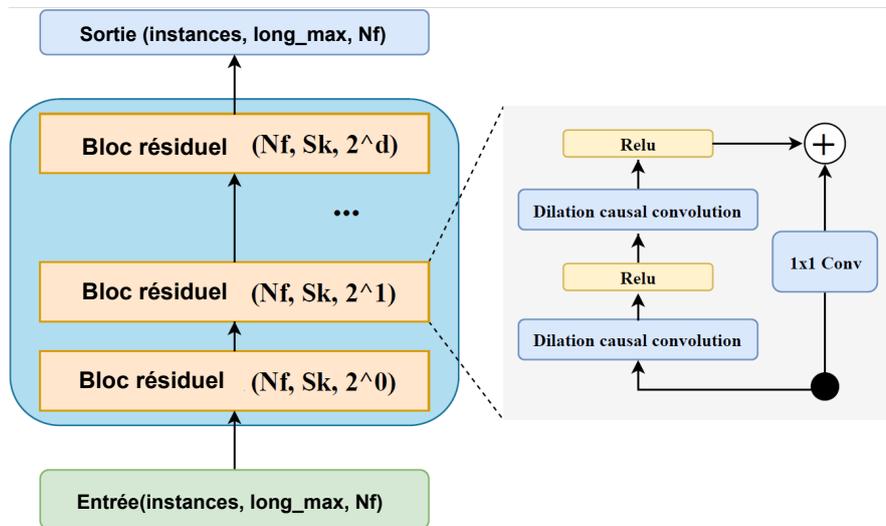


Fig. 3.6 Module TCN. (gauche) un stack du réseau causal dilaté résiduel avec dilatation = (1,2,4,8,16,32,64). (droite) éléments de bloc résiduels.

Le modèle TCN renvoie un ensemble de filtres, qui peuvent être considérés comme des indicateurs de santé extraits automatiquement. Le module de prédiction à deux couches met en correspondance les informations extraites par le modèle TCN avec la cible RUL. La première couche est fixée à 50 neurones et utilise Relu comme fonction d'activation. La dernière couche de régression a la taille d'un neurone, et puisque la valeur cible est positive,

la fonction Relu est utilisée au lieu de la fonction linéaire pour la tâche de régression, ce qui a aidé le modèle à converger rapidement.

3.6 Etude de cas

Dans l'étude de cas suivante, l'architecture profonde supervisée proposée sera comparée aux études récentes de la littérature. Les expériences sont réalisées sur les quatre sous-ensembles fournis dans le jeu de données de référence C-MAPSS : FD001, FD002, FD003 et FD004. Toutes les expériences sont implémentées en python en utilisant les bibliothèques Keras et TensorFlow.

3.6.1 Description du jeu de données

L'ensemble de données C-MAPSS de la NASA est utilisé pour évaluer les performances de la méthode proposée Saxena and Goebel [117]. L'ensemble de données C-MAPSS est divisé en quatre sous-ensembles composés de données temporelles multivariées obtenues à partir de 21 capteurs, comme indiqué dans le tableau 3.1. Chaque sous-ensemble est ensuite divisé en plusieurs ensembles d'entraînement et de test de séries temporelles multivariées. Les ensembles d'entraînement comprennent des enregistrements de capteurs, du fonctionnement à la panne de plusieurs moteurs d'avion, recueillis dans différentes conditions opérationnelles et modes de panne, comme décrit dans le tableau 3.1. Chaque série temporelle provient d'un moteur à turbine à gaz d'avion différent et commence avec une usure initiale et des décalages de fabrication différents, ce qui est inconnu. Tous les moteurs fonctionnent initialement dans des conditions normales, puis commencent à se dégrader à un moment donné. Pour la trajectoire de chaque moteur à réaction, le dernier enregistrement de données correspond au cycle où le moteur s'avère défectueux, tandis que la dégradation dans la série de tests se termine quelque temps avant la défaillance. Ainsi, l'objectif principal est de prédire la valeur correcte de la RUL de chaque moteur dans les séries de tests. Les quatre sous-ensembles varient en fonction des conditions de fonctionnement et de défaillance, et les données sont contaminées par le bruit des capteurs. Voir Saxena et al. [118] pour une compréhension plus détaillée de l'ensemble de données C-MAPSS.

Tab 3.1 Informations détaillées sur le jeu de données CMAPSS

| Sous-ensemble | Type de défaut | mode Opération | échelle d'entraînement | échelle de test | Max durée de vie |
|---------------|----------------|----------------|------------------------|-----------------|------------------|
| FD001 | 1 | 1 | 100 | 100 | 362 |
| FD002 | 1 | 6 | 260 | 259 | 378 |
| FD003 | 2 | 1 | 100 | 100 | 525 |
| FD004 | 2 | 6 | 249 | 248 | 543 |

3.6.2 Prétraitement des données

Sélection des caractéristiques

Les sous-ensembles FD001 et FD003 comprennent des mesures de capteurs constantes tout au long de la vie du moteur (capteurs 1, 5, 10, 16, 18 et 19). Les mesures constantes des capteurs ne fournissent aucune information utile sur la dégradation des prédictions de RUL. Par conséquent, ces capteurs ne sont pas inclus comme caractéristiques d'entrée pour l'entraînement et la prédiction du modèle. En revanche, les sous-ensembles FD002 et FD004 sont plus complexes en raison des six conditions de fonctionnement citées ci-dessus, et toutes les mesures des capteurs sont utilisées comme caractéristiques d'entrée pour l'apprentissage du modèle.

RUL

Contrairement aux problèmes de régression courants, la valeur de sortie souhaitée des données d'entrée est difficile à déterminer pour un problème de RUL. Il est généralement impossible d'évaluer avec précision l'état de santé et d'estimer la RUL du système à chaque étape du temps sans un modèle précis basé sur la physique. Pour cet ensemble de données populaires, un modèle de dégradation linéaire par morceaux a été proposé dans Ramasso [119]. Le modèle suppose que les moteurs ont besoin d'un marquage RUL constant dans les premiers cycles, puis la dégradation linéaire de la RUL commence jusqu'à ce qu'il atteigne 0, comme le montre la figure 3.7. L'hypothèse d'une dégradation linéaire par morceaux est utilisée dans ce travail. Nous indiquons que la valeur de la RUL dans les premiers cycles est de 120. Par conséquent, la mise à l'échelle Min-Max est effectuée pour les données multi-capteurs, elle permettra de mettre à l'échelle la distribution des données multi-capteurs afin de garantir que toutes les caractéristiques contribuent de manière égale.

Évaluation de la performance

La fonction de score (S) adoptée par le challenge de données de la Conférence internationale sur le pronostic et la gestion de la santé (PHM08) et l'erreur quadratique moyenne (RMSE) sont utilisées dans cette étude pour évaluer les performances de l'approche pronostique proposée. La fonction de score est donnée comme suit :

$$S_i = \sum_{i=1}^N S_i, \quad S_i = \begin{cases} e^{(-\frac{d_i}{13})} - 1; & \text{for } d_i < 0 \\ e^{(\frac{d_i}{10})} - 1; & \text{for } d_i \geq 0 \end{cases} \quad (3.5)$$

où S désigne le score, et N le nombre total d'échantillons de données de test. $d_i = RUL_{i_predict} - RUL_{i_true}$, c'est-à-dire l'erreur entre la valeur estimée de la RUL et la valeur réelle de la RUL pour le i -*ime* échantillon de données de test.

La fonction de score se concentre sur les prédictions tardives et leur attribue une pénalité plus élevée que les prédictions précoces. En effet, les prédictions tardives peuvent entraîner de graves défaillances du système dans les applications réelles de gestion du cycle de vie des produits, car la procédure de maintenance sera planifiée trop tard. Néanmoins, l'objectif principal est d'atteindre la valeur la plus faible possible pour S et RMSE, c'est-à-dire lorsque $d_i = 0$

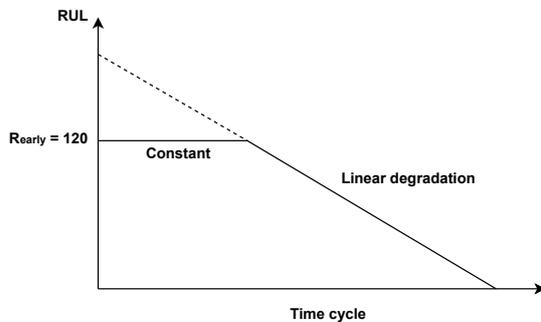


Fig. 3.7 Fonction linéaire par morceaux pour la cible RUL.

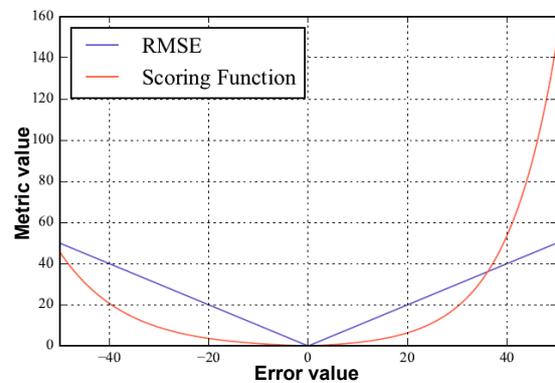


Fig. 3.8 Comparaison des fonctions de score et de RMSE. La pénalisation des prédictions tardives de RUL.

3.7 Résultats

3.7.1 Mise en place de l'approche

Les paramètres de l'approche proposée sont décrits en détail dans cette section. L'entrée du modèle est un Tensor de trois dimensions avec le nombre d'unités dans l'ensemble de données, la longueur maximale des caractéristiques et le nombre de caractéristiques. La petite taille des données d'apprentissage est l'un des principaux avantages de l'approche proposée. En effectuant une prédiction de séquence à séquence, l'apprentissage peut se faire à l'unité. Par conséquent, la taille de l'échantillon est simplement le nombre d'unités dans l'ensemble de données. Le nombre d'unités dans l'ensemble de données CMAPSS se situe dans la plage [100, 260] (voir tableau 3.1), la taille du batch est donc fixée à 16.

Le processus d'apprentissage a été réalisé en 500 époques. Nous avons utilisé la erreur par erreur quadratique moyenne et l'optimiseur d'Adam avec un taux d'apprentissage décroissant. Nous avons utilisé une stratégie d'arrêt précoce à 20 époques, les meilleurs modèles étant sauvegardés pour éviter le Over-fitting. La figure 3.9 montre la erreur de validation du modèle sur les quatre sous-ensembles. Le modèle converge vers la solution avant d'atteindre 200 époques pour tous les sous-ensembles. Ainsi, la erreur de validation diminue rapidement dans les sous-ensembles FD001 et FD003 par rapport aux autres, alors que le modèle rencontre des difficultés à capturer les informations pertinentes dans les sous-ensembles FD002 et FD004 avec six modes de fonctionnement.

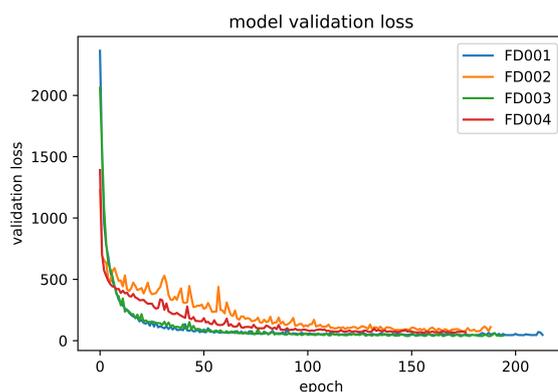


Fig. 3.9 erreur de validation du modèle sur les différents sous-ensembles FD001, FD002, FD003, et FD004.

Les différents paramètres de l'approche sont présentés dans le tableau 3.2. Le bloc résiduel est constitué d'une pile de couches avec un taux de dilatation de 64 et 128 kernels de taille 2. La normalisation des batchs et le dropout sont deux techniques bien connues pour la

Tab 3.2 Paramètres du réseau

| Bloc | Propriétés | exemple FD001 |
|----------------------|--|-----------------|
| Entrée | échantillons = Nbr des unités ; Timestep = Max(longueur des caractéristiques); Feat = depend du sous-groupe; taille du batch = 16; arrêt précoce = 20; sauvegarder meilleure = Vrai. | (100,362,17) |
| TCN block | n_stack = 1; n_filters = 128; kernel = 2; dilations = (1,2,4,8,16,32,64); return_sequence = True; Skip_connexion = True; batch_normalization = False; Dropout = Flase | (100, 362, 128) |
| Module de prédiction | Dense = 50; Activation = 'Relu'; kernel_initializer='he_uniform' | (100, 362, 50) |
| | Dense = 1; Activation = 'Relu' | (100, 362, 1) |
| Total des paramètres | | 97 509 |

généralisation du modèle sont utilisées dans cette approche. Enfin, le module de prédiction comprend une couche dense avec 50 neurones, suivie d'une couche de régression avec un neurone, et la fonction d'activation Relu est utilisée dans les deux couches. En général, le nombre de neurones dans la couche dense avant le dernier est un paramètre critique, nous avons donc mené une étude plus approfondie sur son impact sur le jeu de données CMAPSS dans notre approche.

En outre, les approches de la littérature, notamment celles qui obtiennent les meilleurs résultats, sont basées sur des structures complexes avec des millions de paramètres, dont l'apprentissage prend beaucoup de temps. L'approche proposée avec un bloc d'un réseau neuronal dilaté causal est très petite, avec pas plus de 100 000 paramètres. Par conséquent, l'entraînement sur différents sous-ensembles est rapide, avec moins de 140 secondes.

3.7.2 Prédiction de RUL sur le jeu de données CMAPSS

Pour analyser plus en détail la prédiction de toutes les unités du moteur dans les quatre ensembles de données, nous considérons et trions le dernier échantillon de mesure enregistré de tous les ensembles de données dans l'ordre croissant pour une meilleure représentation (Figure 3.10). Il convient de noter que les valeurs prédites de RUL suivent précisément les valeurs réelles, ce qui témoigne de la qualité des prédictions du modèle proposé.

En outre, les estimations RUL pour la durée de vie des unités du moteur d'essai dans les quatre sous-ensembles avant le dernier cycle enregistré sont présentées sur la figure 3.11. Un exemple d'unité de chaque sous-ensemble de test est sélectionné au hasard et présenté à des fins de démonstration. Bien qu'il y ait une certaine erreur entre les résultats de la prédiction et la vérité de terrain RUL dans les premiers cycles, la précision de la prédiction des moteurs avec une RUL plus petite peut être considérablement plus élevée, de sorte que les caractéristiques de défaut sont pertinentes lorsque le moteur est proche de la défaillance.

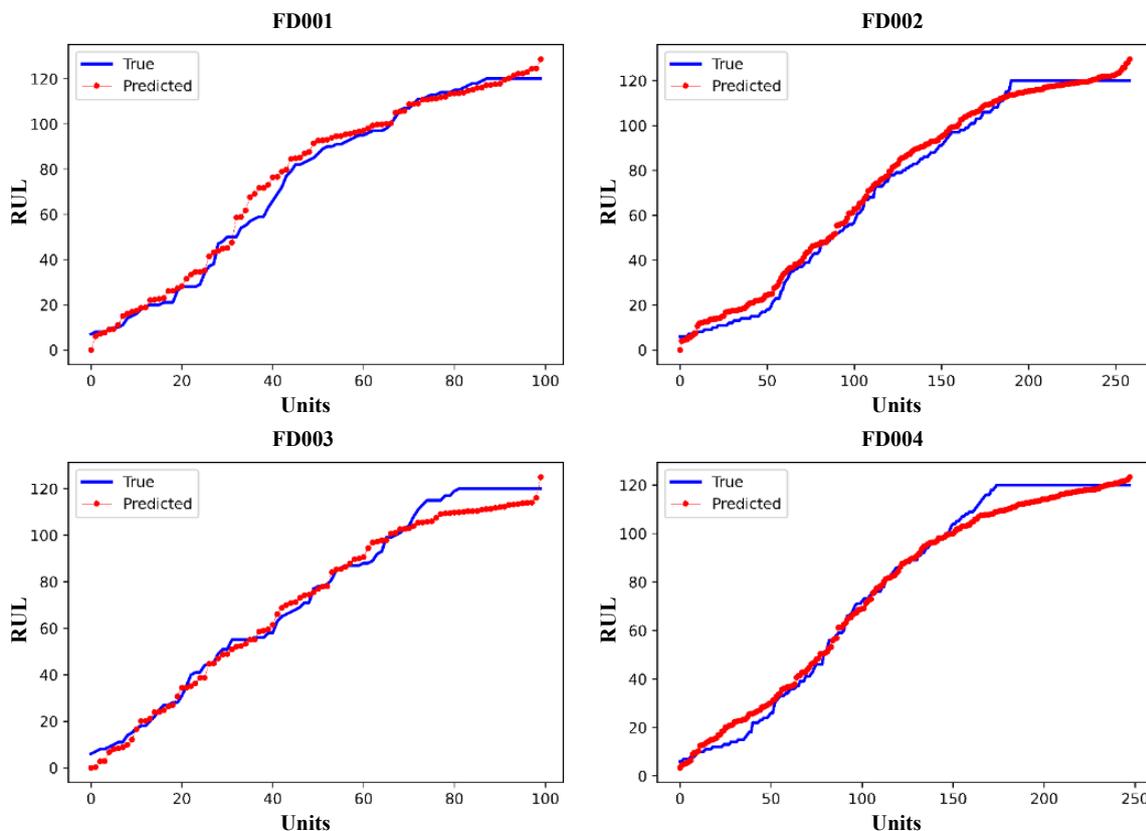


Fig. 3.10 Résultats de prédiction obtenus à partir de différentes unités de test. Résultats de: 1- 100 unités de l'ensemble de données FD001. 2- 259 unités du jeu de données FD002. 3- 100 unités du jeu de données FD003. 4- 248 unités de l'ensemble de données FD004.

3.7.3 Performance de l'approche proposée dans différentes conditions de fonctionnement et modes de défaillance

La performance de l'approche proposée est évaluée sur la base de l'erreur absolue entre la RUL prédite et la RUL réelle. La figure 3.12 montre l'histogramme de distribution des erreurs des moteurs de test pour les quatre ensembles de données. L'axe des x représente l'erreur, et l'axe des y représente le nombre de moteurs dans la zone d'erreur. La figure 3.12 montre que les périodes d'erreur pour les ensembles de données FD001 et FD003 sont plus petites que celles des ensembles de données FD002 et FD004. Ceci est dû au fait que les ensembles de données FD002 et FD004 sont simulés sur la base de six conditions de fonctionnement, ce qui les rend plus complexes que les deux autres ensembles de données et rend la prédiction de la RUL plus difficile.

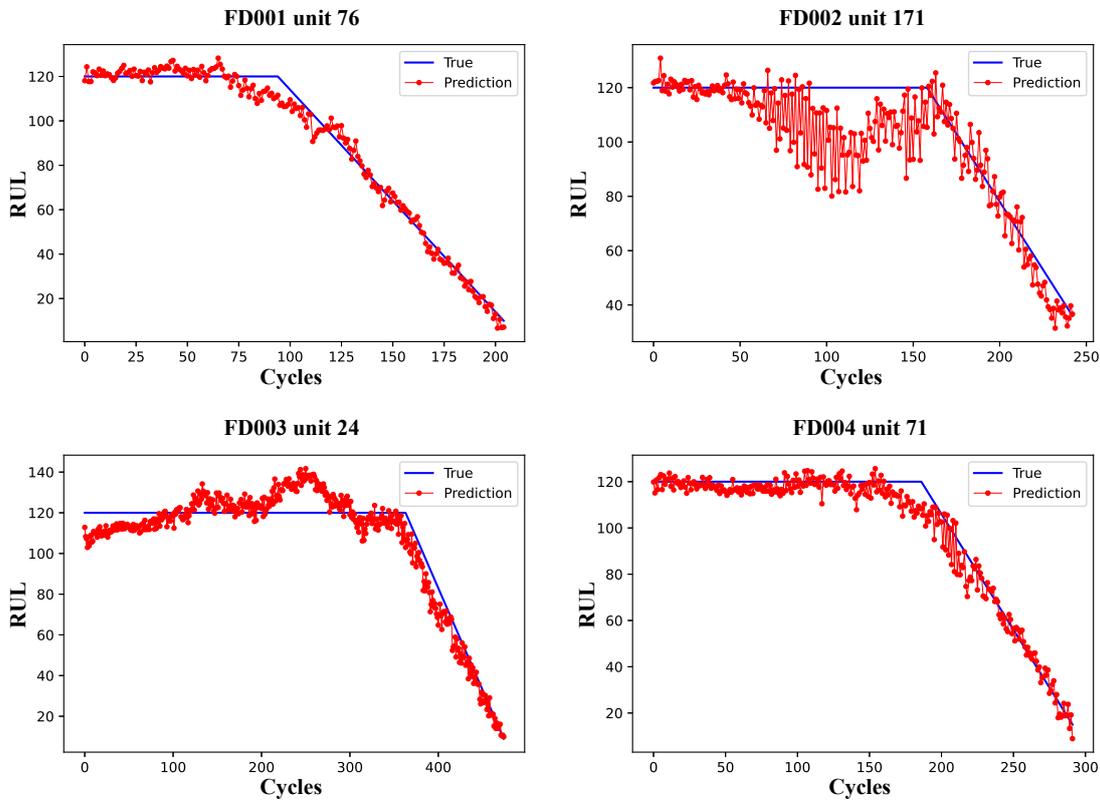


Fig. 3.11 Différents échantillons d'unités de test pour l'estimation des RULs à partir des quatre ensembles de données..

3.7.4 Comparaison avec des travaux connexes

Plusieurs études ont été réalisées pour la prédiction de la RUL sur les quatre sous-ensembles de données considérés dans les ensembles de données C-MAPSS. Certaines études ont effectué des prédictions multiples pour chaque ensemble de données et ont rapporté des résultats basés sur la moyenne et l'écart-type, ce qui est plus précis pour évaluer le biais du modèle. Cependant, la plupart d'entre elles n'ont rapporté qu'une seule prédiction sans mentionner s'il s'agissait de la meilleure ou de la moyenne des prédictions, ce qui rend la comparaison des différentes approches assez difficile. Dans ce travail, la moyenne des prédictions sur chaque sous-ensemble avec notre approche est utilisée pour mener une étude comparative complète afin de valider l'efficacité et la supériorité du SS-TCN proposé.

Le tableau 3.3 illustre les résultats rapportés par les dernières recherches directement liées à la SS-TCN et sont comparés sur la base du MSE et du score PHM08. D'autre part, le tableau 3.4 compare le SS-TCN avec plus de 12 méthodes proposées dans la littérature sur le jeu de données CMAPSS, qui ne sont pas directement liées à notre approche. Les approches récentes ont adopté différents niveaux de complexité dans la conception de leurs

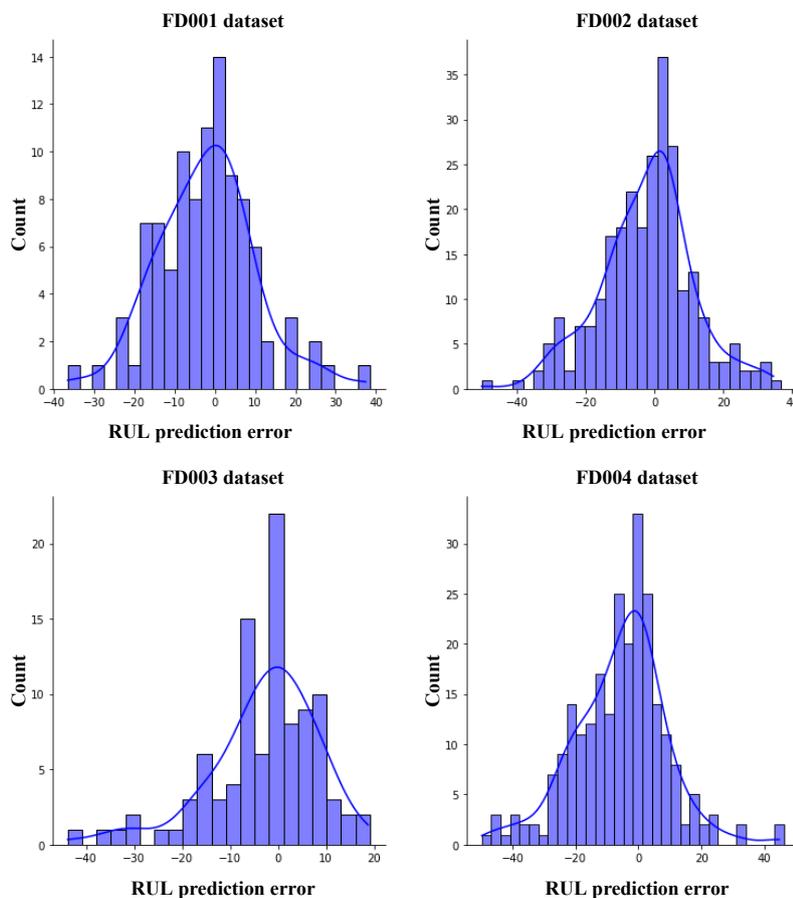


Fig. 3.12 Histogramme de distribution de l'erreur absolue entre la RUL prédite et la RUL réelle pour les quatre sous-ensembles.

structures, qu'elles aient utilisé des modèles de base comme le CNN et le LSTM, ou une solution hybride basée sur l'avancement des architectures d'apprentissage profond pour construire des blocs AI-Dulaimi et al. [106]. Parmi ces travaux, il convient de mentionner que notre proposition de SS-TCN est le premier travail utilisant une approche de réseau temporel causal dilaté de bout en bout sans fenêtre glissante pour la prédiction des RUL. Il ressort clairement des tableaux 3.3 et 3.4 que le modèle SS-TCN proposé a montré des performances supérieures dans différents cas et a obtenu les meilleurs résultats parmi les approches existantes. Dans des cas tels que le score et le MSE de FD001 ou le score de FD004, le NPBGRU AI-Dulaimi et al. [120] est légèrement meilleur que notre approche. À la connaissance des auteurs, les résultats de NPBGRU représentent le meilleur état de l'art sur le jeu de données CMAPSS. Cependant, les modèles sont soumis à la malédiction du biais et de la variance, et les auteurs de la NPBGRU n'ont pas mentionné s'il s'agissait de la meilleure prédiction ou de la moyenne de plusieurs prédictions pour pouvoir comparer assez bien les

résultats. Par conséquent, la figure 3.13 montre le box plot de cinq validations croisées sur chaque sous-ensemble pour donner une illustration claire des multiples prédictions du modèle SS-TCN sur les quatre sous-ensembles. Pour chaque répartition, le modèle est initialisé pour éviter d'utiliser les poids d'apprentissage appris lors de la dernière répartition.

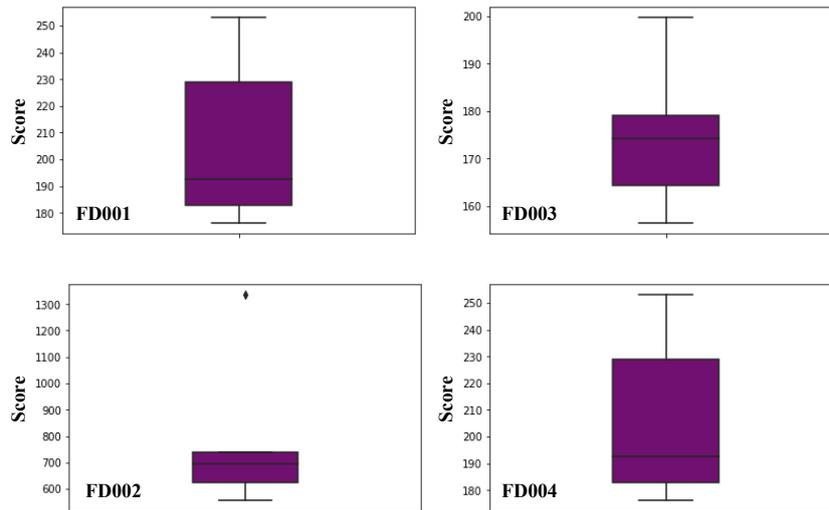


Fig. 3.13 Box plot des cinq résultats de validation croisée du SS-TCN sur les quatre sous-ensembles. Le meilleur résultat de FD001 est 176.05, de FD002 est 555.27, de FD003 est 156.4, et de FD004 est 984.1.

Tab 3.3 Comparaison de l'approche proposée avec des méthodes connexes sur le jeu de données CMAPSS.

| | | MSDCN Li et al. [121] | | DA-TCN Song et al. [122] | | DCNN Li et al. [123] | | TCN Chen et al. [110] | | NPBGRU Al-Dulaimi et al. [120] | | SS-TCN | |
|-------|-------|-----------------------|------|--------------------------|--------|----------------------|------|-----------------------|-----|--------------------------------|-----|---------------|--------|
| | | Moyenne | STD | Moyenne | STD | Moyenne | STD | Moyenne | STD | Moyenne | STD | Moyenne | STD |
| FD001 | RMSE | 11.44 | 0.07 | 11.78 | 0.29 | 12.61 | 0.19 | 14.9 | – | 10.44 | – | 11.38 | 0.44 |
| | Score | 196.22 | 4.99 | 229.48 | 7.53 | 273.7 | 24.1 | 203.04 | – | 191.8 | – | 206.74 | 33.05 |
| FD002 | RMSE | 19.35 | 0.08 | 16.95 | 0.76 | 22.36 | 0.32 | 15.19 | – | 14.651 | – | 13.33 | 0.91 |
| | Score | 3747 | 228 | 1842.38 | 522.4 | 10412 | 544 | 848.52 | – | 899.762 | – | 790.39 | 313.39 |
| FD003 | RMSE | 11.67 | 0.06 | 11.56 | 0.61 | 12.64 | 0.14 | 16.71 | – | 10.59 | – | 11.35 | 0.47 |
| | Score | 241.89 | 6.95 | 257.11 | 57.69 | 284.1 | 26.5 | 838.18 | – | 197.463 | – | 174.8 | 16.5 |
| FD004 | RMSE | 22.22 | 0.14 | 18.23 | 1.06 | 23.31 | 0.39 | 19.74 | – | 16.78 | – | 16.17 | 1.07 |
| | Score | 4844 | 365 | 2317.32 | 655.84 | 12466 | 853 | 2259.2 | – | 1306.5 | – | 1339.61 | 274.37 |

3.7.5 Impact de la taille de la couche dense

Il est impératif de décider du nombre de neurones de la couche cachée avant la dernière couche de régression du module de prédiction. Bien que cette couche n'interagisse pas directement avec l'environnement externe, elle influence considérablement le résultat final. Dans son ouvrage "Introduction to neural networks for Java", Heaton [129] Jeff Heaton explique en détail comment choisir le nombre de neurones et de couches cachées. L'utilisation de trop peu de neurones dans les couches cachées entraînera un Under-fitting. L'utilisation de trop

Tab 3.4 Comparaison avec 12 modèles récents de l'état de l'art sur le jeu de données CMAPSS.

| Méthode | Année | FD001 | | FD002 | | FD003 | | FD004 | |
|--|-------|--------------|--------------|---------------|--------------|--------------|--------------|---------------|--------------|
| | | Score | RMSE | Score | RMSE | Score | RMSE | Score | RMSE |
| RULCLIPPER Ramasso [119] | 2014 | 216 | 13.27 | 2796 | 22.89 | 317 | 16 | 3132 | 24.33 |
| MODBNE Zhang et al. [124] | 2017 | 334 | 15.04 | 5585 | 25.05 | 421 | 12.51 | 6557 | 28.66 |
| D-LSTM Zheng et al. [100] | 2017 | 338 | 16.41 | 4450 | 24.49 | 852 | 16.18 | 5550 | 28.17 |
| DCNN Li et al. [123] | 2018 | 273.7 | 12.61 | 10412 | 22.36 | 284.1 | 12.64 | 12466 | 23.31 |
| CapsNet Ruiz-Tagle Palazuelos et al. [125] | 2019 | 276.34 | 12.58 | 1229.72 | 16.3 | 283.81 | 11.71 | 2625.64 | 18.96 |
| DAG Li et al. [107] | 2019 | 229 | 11.96 | 2730 | 20.34 | 535 | 12.46 | 3370 | 22.43 |
| Semi-supervised Ellefsen et al. [126] | 2019 | 231 | 12.56 | 3366 | 22.73 | 251 | 12.1 | 2840 | 22.66 |
| Tempco Jayasinghe et al. [127] | 2019 | 1220 | 23.57 | 3100 | 20.45 | 1300 | 21.17 | 4000 | 21.03 |
| CNNTW Yang et al. [128] | 2019 | 224.16 | 12.18 | 2494.35 | 19.58 | 23.18 | 317 | 12.74 | 5430 |
| TCN Chen et al. [110] | 2020 | 203.04 | 14.9 | 848.52 | 15.19 | 838.18 | 16.71 | 2259.2 | 19.74 |
| MSDCN Li et al. [121] | 2020 | 196.22 | 11.44 | 3747 | 19.35 | 241.89 | 11.67 | 22.22 | 4844 |
| NPBGRU Al-Dulaimi et al. [120] | 2020 | 191.8 | 10.44 | 899.76 | 14.65 | 197.46 | 10.59 | 1306.5 | 16.78 |
| SS-TCN | - | 206.74 | 11.38 | 790.39 | 13.33 | 174.8 | 11.35 | 1339.6 | 16.17 |

de neurones dans les couches cachées peut entraîner un Over-fitting. Il existe de nombreuses méthodes empiriques pour déterminer le nombre correct de neurones dans la couche cachée. Dans cette section, nous analysons l'impact du nombre de neurones en fonction du nombre de neurones cachés entre la taille de la couche d'entrée et la taille de la couche de sortie. Trois scénarios avec 30, 50 et 100 neurones sont réalisés sur les quatre sous-ensembles pour une analyse plus approfondie. La figure 3.14 montre les cinq validations croisées du SS-TCN sur les quatre sous-ensembles. L'architecture à 30 neurones donne une faible variance, mais le score n'est pas le meilleur. D'autre part, l'architecture à 100 neurones présente la pire variance et les résultats les plus faibles, avec une des prédictions dépassant le score de 400. Enfin, l'architecture à 50 neurones semble avoir les meilleurs résultats dans le jeu de données CMAPSS.

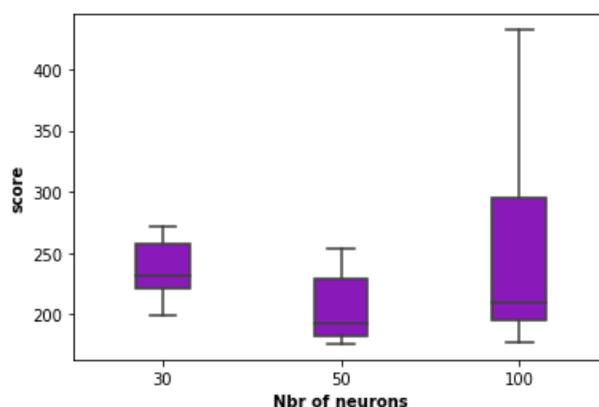


Fig. 3.14 Résultats de la validation croisée du modèle SS-TCN sur le jeu de données FD001 avec différentes tailles de la couche dense dans le module de prédiction.

3.8 Conclusion

La prédiction de la RUL est la tâche la plus importante du processus PHM car elle permet de définir une stratégie d'exploitation optimale. Récemment, l'apprentissage profond a été largement utilisé dans la prédiction de la RUL pour ses performances exceptionnelles et sa grande efficacité dans le traitement des big data industriels. Dans ce chapitre, nous avons présenté l'algorithme SS-TCN, une nouvelle méthode d'estimation de la RUL basée sur la récente architecture convolutionnelle profonde de WaveNet. Cette nouvelle technique se traduit par deux contributions principales. La première concerne l'utilisation de la séquence entière de données pour assurer une prédiction précise de la RUL. La seconde contribution consiste à utiliser des convolutions causales dilatées empilées qui permettent d'accéder à un large éventail d'historiques pendant l'estimation de manière efficace. Le SS-TCN évite l'erreur d'informations et, par conséquent, des résultats de prédiction précis. L'amélioration des performances s'accompagne d'une réduction du temps de traitement par rapport aux méthodes existantes. Plusieurs filtres convolutifs sont utilisés pour créer des chemins parallèles pour la séparation des séries temporelles, ce qui entraîne une réduction considérable du temps de traitement. Ces filtres donnent lieu à un indicateur de santé généré automatiquement et utilisé par le module de prédiction pour établir une corrélation avec la couche cible.

L'algorithme SS-TCN proposé est testé à l'aide de l'ensemble de données CMAPSS, et ses performances sont comparées aux algorithmes de prédiction RUL récemment proposés. Les résultats montrent que l'algorithme SS-TCN surpasse les autres techniques en termes de précision. Ainsi, l'étude présentée est la première étape d'une exploration séquence par séquence du TCN pour l'estimation de la RUL. Ces résultats permettent de bien valider l'hybridation d'une approche deep learning avec un agent adaptatif. Les investigations futures se concentreront sur l'évaluation de l'impact des paramètres empiriques et leur optimisation. En outre, l'efficacité de la SS-TCN peut être évaluée sur d'autres ensembles de données tels que l'ensemble de données sur le vieillissement des batteries Li-ion Hu et al. [130].

Chapitre 4

Vers La PHM Médicale

Résumé

L'intelligence artificielle en médecine se développe rapidement en intégrant des dispositifs intelligents et de nouvelles technologies dans les organismes de soins de santé. Des recherches approfondies ont été consacrées à l'exploration de diverses technologies telles que les technologies de l'information (TI) pour compléter et renforcer les services de soins de santé existants. Cependant, les organismes de soins de santé ont souvent du mal à démontrer la meilleure performance des soins, ce qui ouvre la porte à davantage de recherche pour proposer une approche adéquate afin de répondre à la complexité croissante de l'environnement des soins de santé et une utilisation appropriée des solutions matérielles et logicielles pour une meilleure prise de décision. Ce chapitre explique en détail la première utilisation de l'approche PHM dans le secteur de la santé. Elle sera appliquée dans une étude de cas de pathologie digitale pour fournir des bonnes pratiques de l'acquisition de données à la prise de décision et assister les pathologistes entourés d'appareils intelligents et de nouvelles technologies.

4.1 Introduction

Ce chapitre montre la motivation qui pousse à adopter une nouvelle approche pour aider les médecins dans leur pratique quotidienne. Ensuite, un aperçu de l'intelligence artificielle dans les soins de santé et des notions de pathologie numérique sont exposés. Enfin, la PHM médicale proposée dans le processus de pathologie numérique est expliquée en détail pour chaque étape.

4.2 Motivation

Au cours des dernières décennies, l'adoption à grande échelle des dossiers de santé électroniques a entraîné un flux de données dont la plupart des entreprises ne savent pas trop quoi en faire ! Les médecins et les experts se sont retrouvés au milieu d'appareils intelligents et d'une grande quantité de données, ce qui ouvre les portes à une large application de l'IA dans les soins de santé Ahuja [131]. Dans le domaine médical, chaque terme ou idée est un abîme; il est profond à expliquer, ce qui génère un fossé entre les parties du secteur des soins de santé. Ainsi, l'intégration de l'IA dans les soins de santé ne se limite pas à la collecte de données et aux modèles d'apprentissage, et même l'utilisation des meilleurs modèles nécessite une certaine façon d'obtenir de bons résultats.

En outre, la plupart des études proposées se sont concentrées sur le besoin de données de grande taille pour développer des modèles d'évaluation de la qualité des données, de prise de décision, et ignorent la relation entre tous ces aspects comme un framework central de prise de décision Pezoulas et al. [132]. Les décisions des médecins et des experts sont centrées sur les données. Elles pourraient être altérées par l'utilisation inappropriée de dispositifs ou de logiciels, par une incertitude sur les données ou par le choix inadéquat de modèles d'intelligence artificielle destinés à faciliter les décisions médicales Househ et al. [133].

Dans ce travail, et à travers une étude de cas en pathologie numérique, le processus de diagnostic du cancer du sein, de l'acquisition des données à la décision des experts, est exposé. L'objectif principal est de montrer que les experts médicaux ont besoin d'un framework pour l'utilisation des données pour faciliter l'acquisition des données, le prétraitement des données, le diagnostic, le pronostic et la prise de décision. Il s'agit également de montrer qu'il est clair que toutes ces étapes sont séparées au sein du service de santé de deux façons : (i) Premièrement, les médecins sont confrontés à des difficultés d'utilisation et d'interprétation des données et des outils d'IA, ce qui peut modifier leur décision de manière négative. (ii) Deuxièmement, les différents matériaux et modèles pour les différents scénarios nécessitent une méthodologie claire afin de fournir les meilleures pratiques en matière de soins de santé.

4.3 L'IA dans le monde médical

La prise de décision en médecine constitue une grande partie du travail quotidien des cliniciens. Leurs décisions sont basées sur des informations limitées et un temps restreint pour décider de la meilleure procédure de traitement parmi plusieurs possibilités pour le patient concerné. Dans le cadre de ces responsabilités, et grâce à de nombreuses années de formation, les cliniciens sont devenus des experts très compétents pour effectuer des

diagnostics médicaux. En général, les cliniciens établissent un diagnostic médical par le biais d'un processus de génération et de vérification d'hypothèses. Le processus de diagnostic commence par la génération d'une liste d'hypothèses diagnostiques en utilisant un raisonnement intuitif et non analytique. Le raisonnement analytique permet ensuite au clinicien d'examiner et de confirmer ou de décliner chaque hypothèse, pour aboutir à une conclusion diagnostique Brush Jr et al. [134]. Selon un rapport de l'Académie nationale des sciences, le diagnostic médical est un processus complexe qui implique de multiples actions :

Lorsqu'un patient demande des soins de santé, il y a un processus itératif de collecte d'informations, d'intégration et d'interprétation des informations, et de détermination d'un diagnostic fonctionnel. La réalisation d'un historique clinique et d'un entretien, la réalisation d'un examen physique, la réalisation de tests de diagnostic et l'orientation ou la consultation d'autres cliniciens permettent toujours d'accumuler des informations qui peuvent être utiles pour comprendre le problème de santé d'un patient. Le processus de collecte, d'intégration et d'interprétation des informations implique la génération d'hypothèses et la mise à jour des probabilités antérieures à mesure que l'on apprend plus d'informations. National Academies of Sciences et al. [135].

Les progrès en matière de puissance de calcul ont suscité un intérêt pour l'intelligence artificielle (IA), permettant la mise en œuvre d'algorithmes jusqu'alors strictement théoriques. En outre, avec des résultats impressionnants allant de la recherche aux produits de consommation, des efforts ont été entrepris pour généraliser ces approches à d'autres domaines. Plusieurs succès préliminaires ont également été enregistrés dans des domaines importants. Dans les services de santé, l'adoption généralisée des systèmes de dossiers de santé électroniques (DSE) a permis de mettre à disposition de grandes quantités de données cliniques. L'IA s'est donc révélée prometteuse pour de nombreuses applications de recherche clinique, en particulier l'apprentissage approfondi, pour un grand volume de données.

Les méthodes d'IA ont été appliquées dans différents processus, de la préparation des données à la prise de décision. Cependant, la plupart de ces algorithmes sont formés et validés sur un cas réel, et la collaboration avec des cliniciens pour le développement de ces méthodes est rare. En outre, même ces algorithmes sont utilisés dans des cas réels, l'interprétation et le retour d'information sur la prise de décision et les résultats obtenus est absent. Le manque entre le développement de modèles et la prise de décision dans le domaine des soins de santé est énorme en raison de l'absence d'une méthodologie générale qui relie les étapes des soins de santé. Par conséquent, la variation des modèles utilisés est un défi pour les cliniciens, en particulier pour expliquer et repérer l'interrelation et l'impact sur les résultats de la prise de décision.

Il est donc nécessaire d'adopter une approche intégrée pour aider les médecins, de la collecte des données à la prise de décision. Une telle approche permet d'améliorer les interprétations des images et de réduire les erreurs médicales Norgeot et al. [136]. Elle nous permet de capitaliser les informations et d'intégrer l'expertise des cliniciens dans la boucle de développement des modèles. Pour surmonter le problème mentionné, nous appliquons ici la méthodologie bien connue des pronostics et de la gestion de la santé (PHM) dans le processus de pathologie numérique. Les principaux avantages de cette méthodologie sont décrits dans les sections suivantes.

4.4 Pathologie Digitale

La possibilité de numériser des images de tissus sur des lames entières a favorisé l'apparition de l'IA et des outils d'apprentissage automatique en pathologie numérique, ce qui a permis de réduire le temps d'inspection des lames et pourrait, à terme, améliorer la prise en charge des patients. Les approches d'IA ont été appliquées à diverses tâches de traitement et de classification des images, y compris à des problèmes tels que la détection, la segmentation ou la prévision du diagnostic de la maladie et du pronostic de la réponse au traitement. En outre, les solutions d'IA se sont concentrées sur l'automatisation des tâches qui prennent beaucoup de temps, ce qui permet au pathologiste de consacrer plus de temps à des tâches de décision de haut niveau. Toutefois, pour être efficaces, les approches fondées sur l'IA pour la pathologie numérique doivent être élaborées par le pathologiste en étroite collaboration avec l'oncologue. D'une part, les pathologistes assistent les algorithmes d'IA en annotant les images numériques des lames et en fournissant des connaissances spécifiques au domaine aux spécialistes des données pour concevoir et développer des solutions d'IA. D'autre part, le pathologiste fournit la référence diagnostique sur laquelle les algorithmes d'apprentissage machine seront évalués. Cette collaboration peut conduire le pathologiste à orienter les développeurs vers les qualités spécifiques de l'image de pathologie qui doivent être vérifiées et à aider à la formation des algorithmes par l'annotation et la segmentation des types de tissus, des cellules ou des régions d'intérêt. D'autre part, l'oncologue est confronté au problème de l'absence d'accord lorsqu'il décide de fournir ou non un traitement particulier. Les approches prédictives basées sur l'IA peuvent servir d'outils complémentaires pour des approches de précision centrées sur le patient en développant des enquêtes de pronostic pour évaluer la gravité et l'issue de la maladie et prédire la réponse au traitement.

Toutefois, l'adoption à grande échelle des objets connectés a entraîné un flux de données dont la plupart des établissements ne savent pas trop quoi faire. Les médecins et les experts se sont retrouvés au milieu d'appareils intelligents, de divers algorithmes et d'une grande

quantité de données, ce qui ouvre les portes à une large application de l'intelligence artificielle dans les soins de santé Ahuja [131]. Ainsi, cette application ne se limite pas à la collecte de données et aux modèles d'apprentissage ; même l'utilisation des meilleurs modèles exige une certaine façon d'obtenir de bons résultats. De plus, la plupart des études proposées en pathologie numérique se sont concentrées sur le besoin de données de grande taille pour développer des modèles d'évaluation de la qualité des données, de prise de décision, et ignorent la relation entre tous ces aspects comme un framework central de prise de décision Pezoulas et al. [132]. Par conséquent, une méthodologie générale est essentielle pour intégrer toutes ces parties, aider à la normalisation des décisions et fournir les meilleures pratiques dans le processus de pathologie numérique.

4.5 L'application de la PHM en pathologie digitale PHM-M

Les pathologistes analysent les données histopathologiques des patients pour obtenir des informations histologiques et immunohistochimiques. L'indice de prolifération Ki-67 est un antigène nucléaire lié au cycle cellulaire qui mesure le taux de prolifération cellulaire. Le Ki-67 a été utilisé pour décider d'un traitement adjuvant pour chaque patient et est considéré comme un marqueur de pronostic. L'évaluation de l'indice de marquage (LI) du Ki-67 passe par de multiples étapes interdépendantes. Dans la suite, la PHM est appliqué à la pathologie numérique (Fig.4.1).

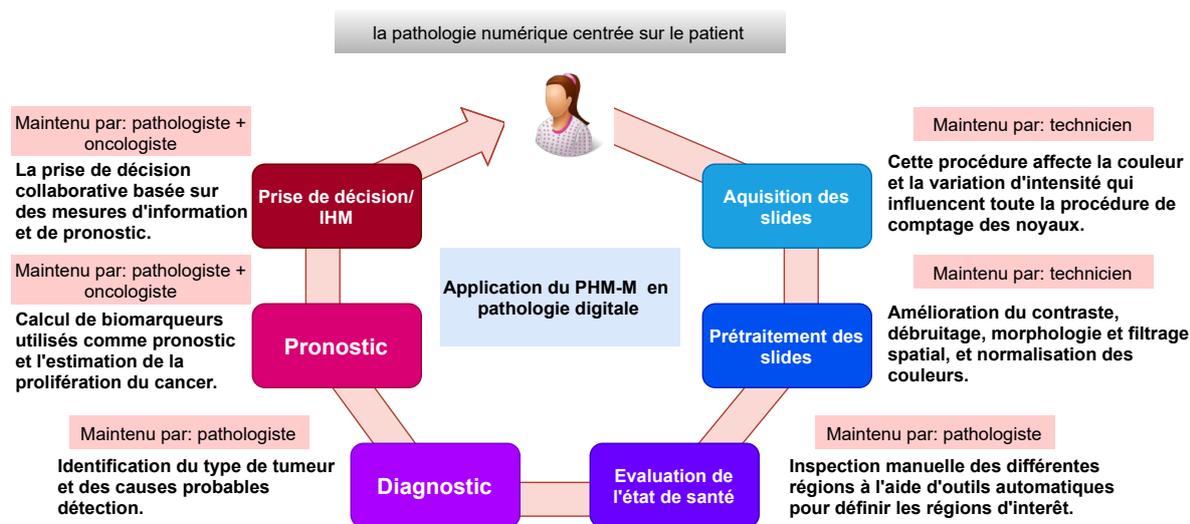


Fig. 4.1 PHM-M, flux pour la pathologie digitale.

4.5.1 Acquisition des slides

La préparation des lames est la première étape dans le laboratoire pour l'évaluation du Ki-67 par immunohistochimie. Tout d'abord, l'échantillon de la biopsie de la tumeur est traité avec du formol et de la paraffine pour fixation. La pièce histologique est ensuite découpée à l'aide d'un microtome pour obtenir des rubans d'une épaisseur comprise entre 3 et 5 μm . Ensuite, une lame de verre est utilisée pour fixer l'échantillon et effectuer la coloration (par exemple, hématoxyline, éosine, safran). La dernière étape avant le balayage est le lavage et la révélation de la réaction immunitaire, où l'excès d'anticorps non liés est éliminé. La coloration de composants spécifiques des cellules et des tissus, tels que les noyaux, le cytoplasme ou les fibres interstitielles, avec un colorant HES (hématoxyline, éosine, safran) et Ki-67 avec DAB. L'efficacité globale du comptage des cellules dépend de la fiabilité de ce processus. La couleur et l'intensité des cellules/noyaux résultant de la procédure ci-dessus rendent généralement le comptage de cellules difficile et les variations aléatoires de la morphologie. Enfin, un scanner numérique est utilisé pour scanner la diapositive et obtenir une image complète de la biopsie (WSI). La numérisation peut générer des artefacts au processus d'imagerie, notamment des variations de couleur ou de contraste et des zones floues, qui peuvent empêcher les pathologistes de poser des diagnostics précis Pantanowitz [137], ou affecter la précision de l'analyse automatique de l'image Liu et al. [138].

4.5.2 Traitement des WSIs

Les diapositives scannées souffrent d'une variation de couleur due à l'utilisation différente du scanner et de la coloration des taches. Les artefacts provenant des laboratoires tels que les plis des tissus, ou les scanners tels que le flou influencent directement les résultats manuels ou automatiques. C'est pourquoi il faut un prétraitement avant l'utilisation clinique. Généralement, l'amélioration du contraste, la luminosité, le débruitage, la morphologie et le filtrage spatial sont utilisés pour améliorer l'qualité d'image (QI) Karaçali and Tözere [139]. En outre, des techniques de normalisation des couleurs sont utilisées pour surmonter le problème de la variation des couleurs. La normalisation des couleurs vise à transférer la couleur moyenne de l'image cible vers l'image source et la séparation de la tache de cette dernière. En imagerie médicale, l'affichage des couleurs a un impact massif sur le diagnostic du médecin Badano et al. [140]. Divers protocoles d'étalonnage et de caractérisation ont été mis au point pour améliorer les performances de l'observateur. Par conséquent, le protocole sélectionné et d'autres facteurs tels que le niveau d'expertise et le type de tâche peuvent modifier l'inspection du WSI et avoir un impact sur la qualité du diagnostic Leveque et al. [141]. En conclusion, Nous pouvons affirmer que les techniques de prétraitement pourraient

faciliter l'inspection manuelle du WSI par le pathologiste et améliorer les performances de l'évaluation automatique du Ki-67.

4.5.3 Évaluation de l'état

À cette étape, le WSI est prétraité et prêt à être inspecté par le pathologiste. Le pathologiste inspecte manuellement différentes régions du WSI et sélectionne des régions de tumeurs comme régions d'intérêt pour une analyse plus approfondie. Différents outils permettent de faciliter l'inspection du WSI grâce à la gestion des fichiers, au zoom, etc. L'identification des régions d'intérêt est parfois un travail laborieux en raison de la grande taille du WSI. Par conséquent, de nouveaux outils automatisés sont utilisés pour mettre en évidence les régions suspectes d'intérêt afin d'aider le pathologiste à zoomer directement sur ces régions et à donner une évaluation de l'état de la biopsie en question. Il convient de mentionner que cette étape dépend fortement du niveau d'expertise du pathologiste. De même, l'évaluation de l'état de santé dépend fortement de la qualité du WSI et du protocole utilisé pour l'inspection Leveque et al. [141].

4.5.4 Diagnostic

Il existe différents types de tumeurs, et il est difficile de les distinguer les unes des autres. Après la sélection de la région d'intérêt, un ou plusieurs pathologistes sont invités à déterminer la tumeur bénigne ou maligne, et les causes probables de ce type. Pour l'estimation de Ki-67 LI, les pathologistes sont invités à associer chaque noyau à sa classe immunopositive ou immunonégative. Ce processus dépend de l'expertise cumulée du pathologiste et des outils automatiques utilisés lors des étapes précédentes.

4.5.5 Pronostic

Prévoir l'issue probable d'une maladie cancéreuse est complexe. Cependant, connaître le type de cancer et l'état actuel du patient pourrait aider à prédire l'évolution de la tumeur. L'indice de marquage (LI) Ki-67 est l'un des principaux scores qui mesurent la prolifération de la tumeur dans l'organisme. Après avoir sélectionné des régions d'intérêt, les noyaux immunopositifs et immunonégatifs sont comptés pour estimer l'indice de marquage Ki-67. Le Ki-67 LI est simplement le nombre de noyaux immunopositifs divisé par le nombre total de noyaux. Sur la base de ce score et d'autres informations clinico-histopathologiques, les médecins peuvent donner leur pronostic sur l'état du patient. Cependant, le processus de comptage est laborieux, long et exposé à des problèmes d'inter et d'intra-variabilité.

C'est pourquoi des outils automatiques ont été proposés pour aider le pathologiste dans ce processus (Fig.4.2). Ces outils ont leurs propres avantages et inconvénients, principalement liés à la qualité des images histologiques qui rendent cette étape très dépendante des étapes précédentes du processus de PHM-M.

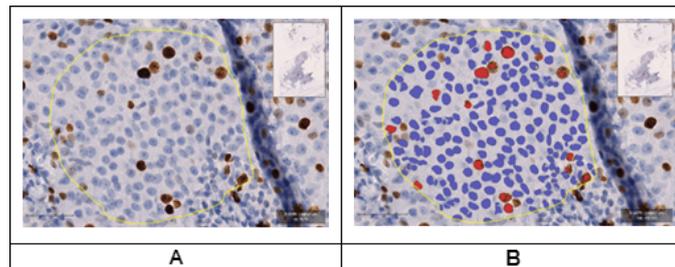


Fig. 4.2 Evaluation du score Ki67 avec l'outil Qupath Bankhead et al. [3]: A- sélection d'une région d'intérêt, B- estimation de Ki-67 score.

4.5.6 Prise de décision

Pour la prise de décision, les pathologistes et les oncologues peuvent collaborer pour prendre une décision finale. Elle s'appuie sur toutes les informations recueillies lors des étapes précédentes du processus, et tout écart dans ce processus génère des décisions erronées. En pathologie numérique, le score Ki-67 LI est utilisé pour la prise de décision avec d'autres facteurs tels que l'âge, les maladies chroniques, etc. La décision diffère d'un cas à l'autre, mais c'est surtout le choix d'aller ou non en chimiothérapie.

4.5.7 Interaction Homme-Machine (IHM)

L'avancement de la numérisation dans les services de santé nécessite le développement de systèmes automatiques pour faciliter l'IHM. En pathologie numérique, les systèmes d'IHM sont responsables de la gestion des dossiers, des patients et de l'échange d'informations au sein et en dehors du service de pathologie.

Conclusion

La pathologie numérique ouvre des possibilités pour différentes applications, principalement les techniques d'intelligence artificielle, pour aider les techniciens. Comme mentionné ci-dessus, le processus de pathologie numérique est composé de plusieurs étapes qui semblent indépendantes. Cependant, avec les solutions d'intelligence artificielle, toutes ces étapes

deviennent fortement dépendantes et s'influencent mutuellement pour la décision globale finale. En conséquence, il est demandé aux acteurs médicaux de différentes spécialités de collaborer dans un tel environnement avec de nouveaux outils avancés.

Une étude de cas de l'estimation et de la prise de décision du Ki-67 LI pour le cancer du sein est ici proposée pour appliquer la méthodologie PHM-M. Cela a permis d'intégrer les différentes étapes dans un framework interconnecté, de la préparation des données à la prise de décision. Le principal avantage de l'utilisation de la méthodologie PHM-M est de faciliter l'échange et la capitalisation des connaissances entre les différentes parties médicales (par exemple, entre la collaboration entre pathologistes et oncologues). En outre, la PHM-M aide les praticiens de la santé à adopter les nouvelles technologies utilisées dans le flux de travail de la pathologie numérique.

L'application de la méthodologie de la PHM en pathologie numérique étant bien adaptée, des études complémentaires pourraient se concentrer sur son extension à d'autres domaines médicaux afin de garantir une prise de décision précise en surmontant les défis liés. Nous pouvons citer:

- la collecte et le stockage des données;
- le traitement des données;
- l'accessibilité et la sécurité des données;
- le transfert de connaissances;
- l'adaptation de l'ontologie entre les praticiens.

Dans les chapitres suivants, une étude détaillée de la qualité des données ainsi qu'une étude de cas réel est présentée en détails.

Chapitre 5

Qualité des données dans la pathologie digitale

Résumé

La qualité des données est un problème courant et réaliste en pathologie digitale. Elle joue un rôle crucial dans la mise en place de systèmes de diagnostic assisté par ordinateur. Outre son importance, il n'existe aucune normalisation de la qualité des images et des marquages, en particulier pour l'analyse automatique des images. Peu d'études couvrent l'ensemble du processus de pathologie digitale, de la préparation des lames aux résultats du diagnostic. La plupart des travaux se concentrent sur les modèles d'identification des cellules en accordant moins d'attention aux problèmes de qualité des données en pathologie digitale.

5.1 Introduction

Ce chapitre traite des travaux réalisés en pathologie digitale pour une identification précise des cellules affectées par la qualité des données, et de la conception d'un organigramme général allant du prétraitement de la qualité des données au développement de modèles basés sur l'expertise des pathologistes. Enfin, nous résumons les travaux effectués sur le terrain, et nous proposons deux approches assistées par ordinateur pour le problème du marquage de la qualité, et la vérification et la correction des erreurs d'annotation.

5.2 Contexte

Les progrès de la numérisation et de l'intelligence artificielle ont conduit à ce que l'on appelle la "pathologie digitale". Ce processus consiste à numériser des lames histologiques et à produire des images à haute résolution grâce à des scanners numériques de lames entières. Ces lames numérisées permettent l'utilisation d'outils innovants tels que l'analyse d'images numériques, le marquage, le suivi, etc. La pathologie digitale joue donc un rôle essentiel dans les pratiques cliniques avancées et permet aux pathologistes de gérer numériquement l'ensemble de leurs données.

L'objectif premier de la pathologie digitale est d'aider les pathologistes à améliorer l'interprétation histologique, à réduire la variabilité entre les lecteurs et à fournir une quantification précise en utilisant des algorithmes d'apprentissage automatique. Le processus de pathologie digitale avec un modèle d'apprentissage profond comprend la préparation des lames, l'imagerie numérique, le post-traitement des images, l'annotation des cellules, les modèles d'identification des cellules et les résultats de sortie.

Cependant, la plupart des études de pathologie digitale existantes adoptent des ensembles de données open-source et améliorent les performances des modèles de segmentation et de classification. Par conséquent, peu d'études couvrent l'ensemble du processus de pathologie digitale, de la préparation des lames numériques aux résultats du diagnostic. En pratique, les problèmes suivants se posent dans les études précédentes : 1) La qualité de la pathologie digitale est instable pour assurer la qualité acceptable des données en raison des différents facteurs du processus de pathologie digitale ; 2) L'amélioration de la précision des modèles est limitée sous certaines qualités de données, et il est difficile d'obtenir d'excellents résultats.

La qualité des données est un problème courant et réaliste en pathologie digitale et a un impact vital sur la précision et la rapidité de la pathologie digitale. Cependant, la plupart des travaux de synthèse se concentrent sur les modèles d'identification des cellules et accordent moins d'attention aux problèmes de qualité des données en pathologie digitale. En pathologie digitale, la qualité des données se réfère à la qualité de l'image (QI) et à la qualité du marquage (QM). Que sont la QI et la QM ? Le QI et le QM sont généralement évalués par deux approches, qui sont la perception globale et la tâche clinique. Pour autant que l'on sache, il n'existe pas de définition standard ou formelle du QI et du QM fixée jusqu'à présent. Toutefois, certaines définitions ont été proposées dans la littérature (par exemple dans Janssen et al. Janssen and Blommaert [142] et Keelan Keelan [143]). Sur la base de l'étude de l'influence de [?], les attributs du QI sont la qualité d'image perçue, la perturbation du flou perçue, la qualité de contraste perçue, la perturbation du bruit perçue et la qualité de saturation des couleurs perçue. Comme pour la définition du QI, les attributs du QM ne sont pas encore identifiés, ce qui doit être normalisé à l'aide de nouveaux outils d'automatisation

Zhong et al. [144]. Néanmoins, lors de la définition des attributs QM, on peut penser à la fiabilité du nombre de régions d'intérêt (ROI) à prendre en compte, au taux de superposition des cellules, etc. La qualité des données semble avoir un impact élevé sur le diagnostic en général, car l'évaluation de la qualité diffère d'une tâche à l'autre. La qualité des données semble avoir un impact élevé sur le diagnostic en général puisque l'évaluation de la qualité diffère d'une tâche à l'autre. Une évaluation spécifique est donc nécessaire en pathologie digitale, et ceci sera couvert par ce document de synthèse pour le QI et le QM.

Une question fondamentale pour les pathologistes est que les décisions doivent être précises pour le nouveau cas à venir. Dans le cadre d'un apprentissage approfondi, il n'est pas facile de résoudre ce problème, car les modèles préformés sont soumis à différents types d'incertitude en raison de l'inter-variabilité des données. Afin de surmonter ce dernier problème, la prévention des erreurs de diagnostic doit être quantifiée. Cette prévention est principalement basée sur le QD. La combinaison de l'évaluation du QI avec le développement de modèles d'apprentissage profond peut réduire l'incertitude et fournir de nouveaux types de mesures. En outre, l'expertise du pathologiste (EP) est un facteur crucial qui doit être pris en compte lors de l'élaboration du modèle. À notre connaissance, le domaine de l'EP n'est pas tellement étudié lors de l'utilisation d'outils d'apprentissage approfondi en pathologie digitale. Elle est directement liée à l'EP lors de l'élaboration de l'ensemble de données, de la sélection des régions d'intérêt, de l'annotation et de la classification des patches et des noyaux. Ainsi, différents niveaux d'expertise peuvent conduire à différentes incertitudes. Ainsi, se concentrer davantage sur l'impact de l'expertise sur le développement de modèles de pathologie digitale à apprentissage profond peut donner de nouvelles idées et augmenter les performances de ces derniers.

Ce chapitre vise à couvrir les travaux effectués en pathologie digitale pour une identification précise des cellules affectées par la qualité des données et à concevoir un organigramme général allant du prétraitement de la qualité des données aux modèles basés sur l'EP. À cette fin, nous nous proposons de répondre à trois questions, respectivement : qu'est-ce que la qualité de l'image/du marquage en pathologie digitale ? Pourquoi la qualité de l'image/du marquage est-elle faible ? Comment améliorer la précision en cas de faible qualité d'image/de marquage ? Pour la dernière question, les solutions pour une identification précise des cellules dans des conditions de faible qualité d'image/de marquage sont systématiquement examinées en fonction du flux de la pathologie digitale, y compris la préparation des lames, l'imagerie digitale, le post-traitement des images, l'annotation des cellules, et les modèles d'identification des cellules et la sortie des résultats. Toutes les solutions sont principalement classées en deux types en ce qui concerne le QI, elles empêchent le QI faible (amélioration de la préparation des lames et du processus d'imagerie numérique) et réduisent l'impact du QI

(amélioration du post-traitement des images et des modèles d'identification des cellules). En ce qui concerne le QI, elles préviennent le faible QI en améliorant le processus d'annotation des cellules et réduisent l'impact du QI en concevant des modèles d'identification des cellules appropriés et en corrigeant leurs résultats. De cette manière, toutes les études connexes sont systématiquement passées en revue. La figure 5.1 résume la vue d'ensemble de cette étude.

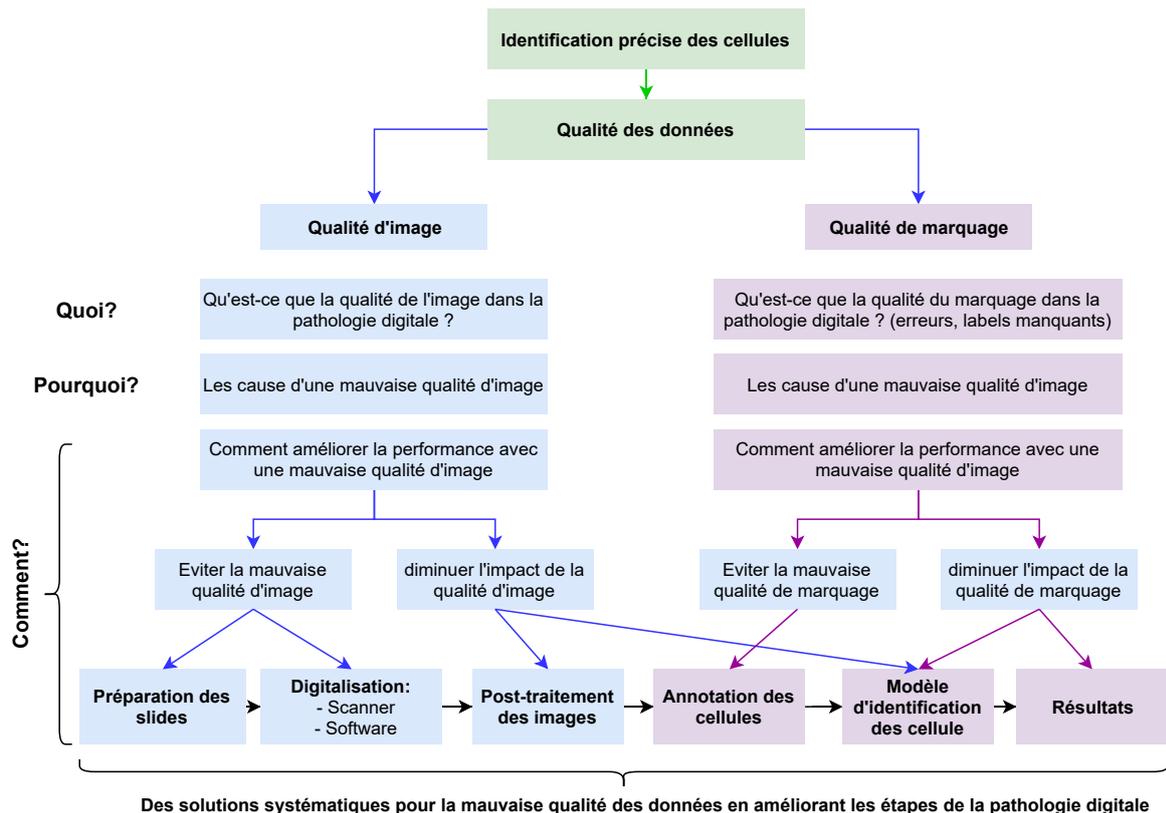


Fig. 5.1 Qualité des données et les solutions systématiques pour l'améliorer.

5.3 Problèmes de pathologie digitale : qualité de l'image et du marquage

Nous décrivons ici les enjeux globaux de la pathologie digitale. Tout d'abord, une description sur la QI et les questions connexes est présentée. Ensuite, nous présentons les questions concernant la QM.

5.3.1 Descriptions et questions relatives à la qualité des images

En pathologie digitale, la décision du pathologiste dépend directement du QI dont il dispose. Cependant, pour autant que l'on sache, il n'existe pas de définition standard ou formelle du QI fixé.

Tout d'abord, nous répondons ici à la question suivante : qu'est-ce que la QI ? Presque tout le monde peut directement porter un jugement sur la qualité d'une image. Nous pouvons remarquer que les couleurs de l'image sont artificielles ou floues. Cette évaluation subjective de la QI est faite en fonction des objectifs visés par le créateur de l'image ou des objectifs du spectateur. À cette fin, certaines définitions ont été proposées : Janssen and Blommaert [142] définissent la QI comme deux attributs perceptifs : le naturel et l'utilité, "la qualité d'une image étant le degré auquel l'image est à la fois utile et naturelle". La définition de Keelan Keelan [143] prend en compte les informations contextuelles : "La qualité d'une image est définie comme étant une impression de son mérite ou de son excellence, telle que perçue par un observateur qui n'est ni associé à l'acte photographique ni étroitement impliqué dans le sujet représenté". Comme la définition de la QI dépend directement de différents facteurs, et qu'il est difficile d'avoir besoin d'une définition générale, une évolution structurelle de la QI au cours d'un cycle de vie est proposée dans Engeldrum [145], où quatre étapes de base caractérisées par un ensemble différent de paramètres définissent la QI.

Dans le cas des images médicales, les objectifs du créateur et du spectateur de l'image doivent être identiques et bien définis Bourne [146]. Les informations contenues dans l'image, en d'autres termes, la qualité de l'image, doivent être suffisantes pour permettre une évaluation précise des fonctions ou des objectifs en question. En pathologie digitale, si un pathologiste demande un balayage pour un tissu cancéreux, l'image doit alors révéler la présence de cellules/noyaux et une bonne visibilité de la morphologie et de la coloration des cellules/noyaux. Le pathologiste qui examine les images aura des idées très précises sur ce qui constitue une image de bonne qualité pour le diagnostic et la prédiction. Étant donné que les objectifs des images médicales sont objectivement bien définis, il est utile d'avoir des méthodes quantitatives de définition du QI. Ces méthodes sont fondamentales pour l'analyse et les mesures du QI par imagerie sur lame entière, telles que l'analyse par zone, par cellule et la mesure d'objets dans les tissus en dehors des cellules.

Deuxièmement, nous abordons la question de savoir pourquoi les problèmes de QI surviennent ? Les images numériques sont soumises à une grande variété de distorsions lors de l'acquisition, du traitement, de la compression, du stockage, de la transmission et de la reproduction, qui peuvent toutes entraîner une dégradation de la qualité visuelle Wang et al. [147]. Dans le processus de pathologie digitale, l'image finale du pathologiste ou le modèle passe par une série d'opérations qui contribuent à sa qualité et affectent la

performance globale de l'utilisateur final (pathologiste/modèle). Malgré la disponibilité de certains programmes de contrôle de l'assurance qualité pour les utilisateurs de pathologie digitale, un humain est toujours nécessaire pour l'assurance qualité des images numériques avant qu'elles puissent être traitées par un algorithme d'analyse d'image Aeffner et al. [148]. Habituellement, les pathologistes assistent ce dernier processus en assurant la préparation des tissus, en inspectant l'image du scanner et en évaluant les résultats du modèle (par exemple, la classification). À chaque étape, ils donnent un retour d'information subjectif sur le niveau de QI et décident d'accepter ou de refaire une opération. Néanmoins, l'évaluation subjective de la qualité par le pathologiste est parfois trompée par la dégradation cachée au niveau du pixel. Comme approche alternative, l'évaluation objective de la qualité imite automatiquement l'observation humaine en se basant sur les modèles mathématiques proposés pour prédire automatiquement la qualité de l'image.

5.3.2 Description et questions relatives à la qualité du marquage

Dans l'identification des cellules tumorales par traitement d'images, les pathologistes travaillent principalement sur l'annotation des cellules tumorales et des cellules normales dans les images. Ces cellules annotées sont ensuite utilisées pour former le modèle de segmentation et d'identification des cellules. Par conséquent, la qualité de l'annotation des cellules est cruciale et doit être étudiée.

Tout d'abord, nous répondons à cette question : qu'est-ce que la qualité de l'annotation cellulaire ? En général, il s'agit d'erreurs de marquage et d'un nombre limité d'étiquettes en nombre et d'une variété d'images annotées. Les erreurs de marquage signifient que les pathologistes font une erreur en annotant des cellules et non des cellules et en annotant des cellules normales et des cellules tumorales. Les erreurs de marquage comprennent le problème d'un nombre limité de labels de cellules et d'une variété limitée d'images annotées. La variété des images est déterminée par les différents patients, le processus de préparation des lames, les scanners et logiciels d'imagerie numérique, le post-traitement des images, la sélection des régions d'intérêt, etc. En outre, la variété comprend la forme des cellules, la densité des cellules, la couleur des taches, la distribution des couleurs, etc.

Ensuite, nous discutons des problèmes de QM . Le marquage des cellules est un travail à forte intensité de main-d'œuvre et qui prend beaucoup de temps. Par exemple, le marquage d'une image de taille 512x512 prend généralement une heure. Pour répondre à l'exigence du modèle concernant la taille des données d'entraînement, il faut généralement un ou deux mois, au moins. Pour réussir à fournir suffisamment de cellules annotées, de nombreux pathologistes participent à ce travail. Cependant, le QM dépend fortement de l'expertise des pathologistes. Les pathologistes ayant des niveaux professionnels et des expériences

différents entraînent une variation de la qualité de l'annotation. Pour l'annotation d'une même cellule normale, dont la couleur est similaire à celle du tissu non cellulaire (par exemple, en utilisant la DAB comme coloration), les pathologistes ayant des expériences différentes donneront des résultats d'annotation différents. La situation idéale est de trouver plus de pathologistes ayant un niveau élevé d'annotation. Cependant, tous ces pathologistes ne peuvent pas accorder plus d'attention à ce travail qui prend du temps et annotent trop de cellules. De plus, plus le temps passé est long, plus les erreurs sont facilement introduites dans l'image annotée. Par conséquent, les erreurs de marquage et le nombre limité de cellules annotées peuvent être évités. L'autre raison des erreurs de marquage est la variation du QI, qui influence les résultats de l'annotation. Les mêmes cellules avec un QI différent, comme la variation de couleur et la clarté de l'image, peuvent être soumises à la variabilité de l'observateur et même obtenir des marquages opposés. Une variété limitée d'images annotées réside principalement dans le nombre limité de patients, la variation plus faible des régions d'intérêt dans une image, et d'autres raisons de la variété des images.

5.4 Solutions aux problèmes de qualité de l'image

Nous souhaitons ici mettre en évidence les deux étapes qui, à notre avis, influencent fortement le QI global en pathologie digitale, qui sont la préparation du WSI (préparation des tissus et imagerie numérique) et le traitement du WSI (différents algorithmes visuels et adaptation automatique du modèle). Ces étapes sont décrites dans la figure 5.2. Dans la suite, nous fournirons une description du contrôle et de l'amélioration.

5.4.1 Préparation des tissus

L'un des facteurs essentiels est la façon dont le tissu a été préparé avant le balayage. La figure 5.3 montre les différentes étapes par lesquelles passe l'échantillon au laboratoire pour l'évaluation KI 67 par immunohistochimie. Chacune de ces étapes a un impact sur la lame à scanner. Pour être plus précis, lorsqu'un échantillon de biopsie de tumeur arrive au laboratoire, il est fixé dans du formol, et l'échantillon est inclus dans de la paraffine. La pièce histologique est ensuite découpée à l'aide d'un microtome pour obtenir des rubans. Contrairement à un microscope traditionnel, les scanners de pathologie digitale ont une plage de focalisation plus petite, et une épaisseur de tissu standard comprise entre 3 et 5 μm est nécessaire pour obtenir les meilleurs résultats. De plus, une mauvaise coupe peut entraîner une mauvaise fixation du colorant sur les cellules et brouiller la positivité des cellules superposées. Ensuite, une lame de verre est utilisée pour placer l'échantillon et effectuer la

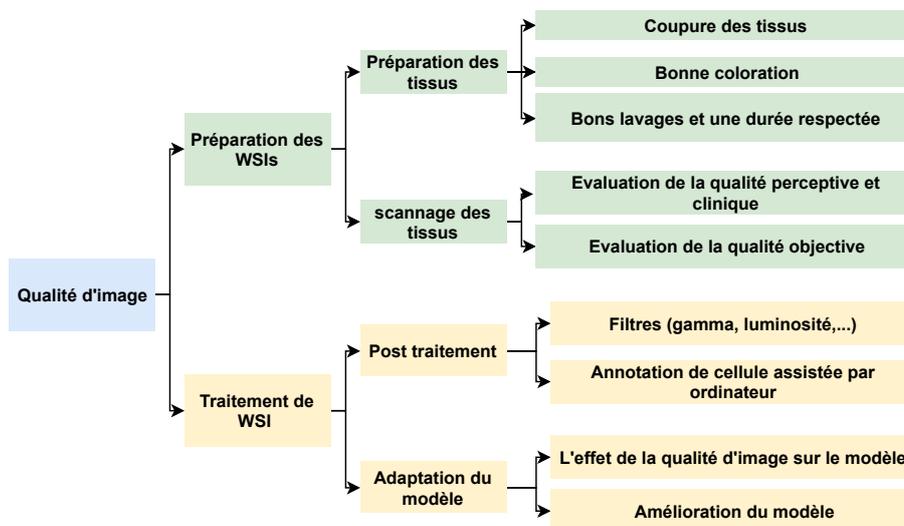


Fig. 5.2 Qualité d'image dans le processus de la pathologie numérique, de la préparation des diapositives au développement du modèle.

coloration (par exemple, hématoxyline, éosine, safran). Les scanners de pathologie digitale fonctionnent mieux sur des tissus plats, de sorte que le processus de montage doit éviter les bulles d'air emprisonnées sous la lamelle et les plis dans les tissus pour une mise au point optimale. Une coloration de fond très excessive ou une faible coloration modifiera le scanner pour identifier le tissu et affectera automatiquement la qualité du scan pour le processus de coloration. La dernière étape avant le balayage est le lavage et la révélation de la réaction immunitaire, où l'excès d'anticorps non liés est éliminé, puis nous colorons spécifiquement certains composants des cellules et des tissus, tels que les noyaux, le cytoplasme ou les fibres interstitielles avec un colorant HES (hématoxyline, éosine, safran) et Ki 67 avec la DAB. Un mauvais lavage produit un colorant partout (stroma, cellules immunitaires, sur la lame) alors qu'un lavage trop fort peut enlever le colorant, et la couleur n'est plus assez forte pour distinguer les types de cellules. Par conséquent, la précision globale du comptage des cellules dépend de la fiabilité de ce processus. La couleur et l'intensité de la/des cellule(s) résultant de la procédure ci-dessus peuvent souvent rendre le comptage de cellules difficile et entraîner des variations aléatoires de la morphologie.

5.4.2 Scannage des tissus

Nous allons maintenant aborder l'ensemble de la diapositive QI. Les scanners de pathologie de lames entières sont de nouveaux équipements qui permettent l'imagerie haute résolution de lames histologiques entières Farahani et al. [149]. Alors que la plupart des scanners fonctionnent généralement bien, les lames virtuelles peuvent avoir besoin d'artefacts et de

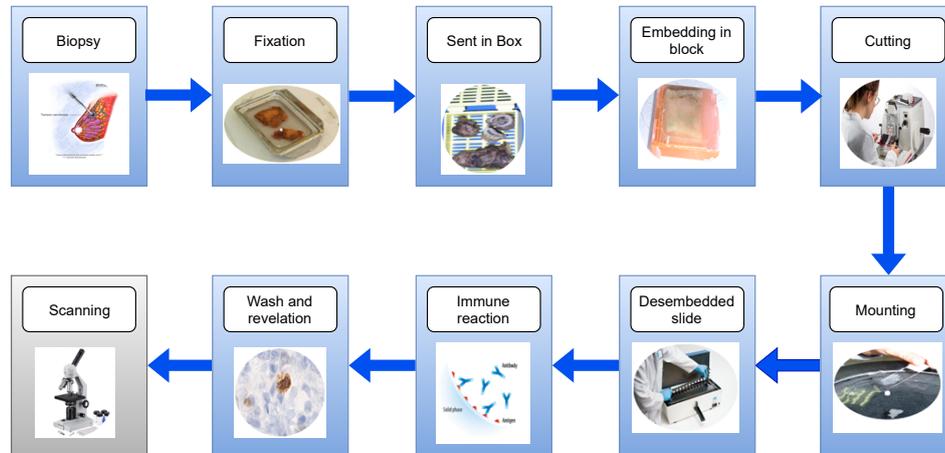


Fig. 5.3 Préparation des tissus.

régions floues en raison d'une mauvaise préparation (pliage des tissus, coloration, etc.), de la numérisation (par exemple, flou, variations de contraste et de teinte), ou de la faible focalisation locale Lopez et al. [150]. La qualité des images produites par les scanners WSI influence directement les performances du lecteur et la précision du logiciel de pathologie digitale, et il est nécessaire d'éviter autant que possible ces artefacts (voir figure 5.4). De plus, l'évaluation de la qualité des images scannées est encore floue, et le niveau de QI requis à des fins cliniques ou de recherche n'est évidemment pas donné. Récemment, de nombreux travaux ont abordé la question de l'évaluation du QI des diapositives entières sous différents aspects. En général, deux approches différentes peuvent être envisagées pour évaluer le QI : les méthodes subjectives et objectives (voir Mohammadi et al. [151]). Les méthodes subjectives correspondent à l'évaluation des images par le pathologiste. En revanche, les méthodes objectives font référence aux modèles mathématiques qui devraient être capables de prédire automatiquement la qualité de l'image (voir Thanki et al. [152], He et al. [153]).

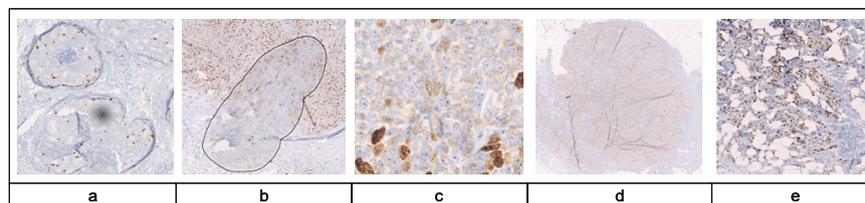


Fig. 5.4 Artefact sur les diapositives numériques : a- mauvaise coloration. b- goutte d'huile. c- lavage inefficace. d- rides. e- flou

La complexité des scanners numériques réside dans le fait que chaque scanner a des réglages différents (par exemple, objectifs, grossissement, ouverture), des caractéristiques d'affichage, des logiciels et du matériel différents Yagi and Gilbertson [154]. En imagerie

numérique, les diapositives sont d'abord préparées puis scannées. Après chaque numérisation, le pathologiste inspecte et évalue l'image. Si la qualité de l'image scannée ne répond pas à ses exigences, l'image doit être à nouveau scannée. Cependant, vu la grande taille de l'image traitée, le pathologiste peut facilement être trompé par la dégradation cachée du niveau des pixels. Cet outil subjectif prend beaucoup de temps en pathologie digitale et pourrait être affecté par les étapes de préparation des diapositives, la qualité des scanners, la coloration des diapositives et les problèmes d'inter/intra-variabilité. Les pathologistes ayant différents niveaux d'expertise peuvent donc fournir des scores d'évaluation différents Krupinski and Weinstein [155]. Cela rend essentiel le développement de méthodes d'évaluation de la qualité plus objectives pour aider le pathologiste à évaluer le QI avec une approche quantitative Farahani et al. [149].

Pour les images médicales, il a été recommandé d'évaluer la qualité des images en fonction de la réussite des médecins à effectuer une tâche clinique avec ces images (QI clinique) ou, dans une approche alternative, les pathologistes sont invités à évaluer le QI global (QI perçu) (voir Platiša et al. [156]). Il est donc essentiel de comprendre comment les pathologistes perçoivent la qualité des diapositives numériques. Rappelons qu'en imagerie médicale, la résolution de l'image est l'un des paramètres fondamentaux dans la définition du QI, et l'affichage des couleurs a une influence massive sur le diagnostic du médecin Badano et al. [140]. Dans Krupinski et al. [157], la performance de l'observateur est évaluée en termes de reproduction des couleurs de l'écran LCD. Un protocole d'étalonnage et de caractérisation est mis au point pour une application d'imagerie médicale à couleurs critiques. L'étude a été réalisée sur 250 lames de biopsie mammaire présentées à six médecins avec et sans le protocole de calibration. Les résultats montrent qu'un léger avantage du diagnostic basé sur le protocole développé. Un aperçu des méthodes existantes d'évaluation de la qualité perceptive des images médicales est présenté dans Leveque et al. [141]. Les méthodes présentées ont été divisées en deux parties : un stimulus unique (un stimulus est présenté et noté) et des multi-stimuli (deux stimulus ou plus sont présentés et notés). L'étude suggère d'inclure certains facteurs sur les futures études d'évaluation de la qualité perceptive, tels que le niveau d'expertise de l'observateur et le type de tâche. Cependant, la qualité perceptive des diapositives numériques est différente et plus complexe que celle des autres types d'images médicales.

La qualité des diapositives numériques est fonction de différents processus, tels que le traitement des tissus, la coloration et la découpe des diapositives, et la performance du scanner. Plus important encore, les échantillons de pathologie nécessitent une analyse différente selon la question posée, ce qui rend difficile la définition d'un niveau minimum de QI de base pour toutes les questions cliniques Yagi and Gilbertson [154]. D'autre part, la qualité subjective

(perceptive et clinique) est basée sur le profil et le niveau d'expertise de l'observateur. Dans Lévêque et al. [158], les auteurs étudient, par le biais d'une expérience subjective dédiée, si et comment des images et des vidéos déformées affectent la qualité perceptive des radiologues et des échographistes. Les résultats montrent que les échographistes sont plus gênés que les radiologues par les distorsions des vidéos hautement compressées. Même si le QI clinique et le QI perçu semblent être liés, une étude dans Platiša et al. [156] montre que le QI perçu n'est pas toujours corrélé avec le QI clinique. Ils ont donc introduit un nouveau concept appelé QI perçu en fonction de la tâche, dans lequel les observateurs évaluent le QI perçu dans un contexte clinique en fournissant la tâche clinique. Dans la même étude, les auteurs évaluent le QI perçu sur des lames de pathologie digitale colorées à l'hématoxyline et à l'éosine (H&E). Trois groupes de sujets, en fonction de leur profil d'expertise, ont évalué les images. Cela montre que les critères initiaux de jugement dans les images de pathologie digitale sont différents pour des sujets de profils d'expertise différents, en particulier l'expert en images (IE) et l'EP. Il pourrait donc être trompeur de guider le développement d'algorithmes d'images ou de systèmes d'imagerie spécifiques à la pathologie par des réponses psychovisuelles de sujets qui ne sont pas experts en pathologie. En outre, en raison de la relation inconnue entre les différentes méthodes de notation du QI et de la nécessité de combiner les notations de l'IE et de l'EP pour évaluer la qualité des images, l'objectif ultime serait de concevoir des mesures numériques permettant de prédire les réponses de l'EP.

La qualité des images de pathologie est abordée du point de vue de la perception et de la tâche clinique. L'effet de l'expertise des différents profils peut induire en erreur le développement de tout algorithme d'image spécifique à une pathologie. Une évaluation du QI spécifique au modèle est essentielle pour fournir de nouvelles mesures numériques qui peuvent prédire les réponses à l'EP.

Au cours de la dernière décennie, l'automatisation du processus d'évaluation du QI en pathologie digitale a fait l'objet d'une attention accrue, et plusieurs adaptations ont été appliquées aux diapositives numériques (voir Ferzli and Karam [159] et Lin and Kuo [160]). Les approches d'évaluation complète du QI de référence, où une image de référence est considérée comme une cible de comparaison, ne sont pas adaptées à l'évaluation de la qualité des diapositives virtuelles car de telles images de référence ne sont pas disponibles Wang et al. [147] et Larson and Chandler [161]. En remplacement, d'autres méthodes sont proposées pour évaluer la qualité en fonction de la netteté (Walkowski and Szymas [162], Huang and Jing [163]), une combinaison linéaire de mesures de la netteté et du bruit de l'image Hashimoto et al. [164], une évaluation du QI basée sur la dépendance locale pour les problèmes complexes où l'image peut être modifiée par différentes distorsions comme le flou de mouvement, le bruit blanc et le flou de mise au point Ye and Doermann

[165]. Pour des images ayant le même contenu (différentes versions floues de la même image nette), ces mesures sont généralement performantes mais ne reconnaissent pas le flou dans les différents contenus des images naturelles De and Masilamani [166], Ferzli and Karam [159]. Pour les diapositives numériques, et en raison de la diversité du contenu, de nombreuses tentatives tentent de combiner plusieurs caractéristiques afin d'évaluer le QI. Dans Janowczyk et al. [167], les auteurs ont utilisé une combinaison de mesures d'images (par exemple, histogrammes de couleurs, luminosité, contraste), de caractéristiques (par exemple, détecteurs de bords) et de classificateurs supervisés (par exemple, détection de stylos) pour effectuer rapidement un contrôle de qualité et identifier les régions sans artefacts sur les diapositives numérisées. Un pipeline complet pour la numérisation des lames de cytologie cervicale est proposé dans Lahrman et al. [168], les auteurs évaluent la qualité des lames en termes de netteté et ré-scannent automatiquement la lame si la mesure de qualité est inférieure à un seuil défini. Un classificateur SVM (machine à vecteur de support) est utilisé pour détecter la netteté de la diapositive sur la base de cinq mesures de netteté comme caractéristiques (différence par rapport à flou, score de gradient, différence par rapport à affûté, différence par rapport à lissé, nombre de bords). Shrestha Shrestha and Hulsken [169] a évalué la reproductibilité des scanners WSI sur la base de la qualité des images. L'étude a montré que la méthode d'évaluation quantitative du QI proposée permettait d'évaluer avec succès le WSI. Dans Hosseini et al. [170], une métrique d'évaluation de la qualité sans focalisation de référence, en particulier pour la pathologie digitale, est proposée. Cette méthode permet de quantifier rapidement et précisément la qualité de la mise au point de l'image et de déterminer si l'image traitée doit être re-scannée. Dans Campanella et al. [171], un ensemble de données de référence pour la détection des flous est introduit, et un ensemble de différentes mesures de netteté sont testées dans un framework de forêt aléatoire. Les résultats sont comparés avec une approche d'apprentissage en profondeur, et les résultats montrent que les caractéristiques de profondeur sont plus performantes que les pipelines de contrôle de qualité de pointe. De plus, l'approche d'apprentissage en profondeur peut produire une carte thermique spatiale pour la localisation et la quantification des zones floues.

5.4.3 Post traitement

De nos jours, l'utilisation différente du scanner/équipement et de la coloration des taches génère une variation de couleur dans les images histopathologiques, où la tâche ou la teinture apparaît généralement dans des couleurs différentes. Ainsi, les diapositives scannées nécessitent des ajustements post-acquisition pour améliorer le contraste, la luminosité et la visibilité de l'image afin d'être pleinement utilisées dans le cadre clinique et de recherche Bautista et al. [172]. Les artefacts provenant des laboratoires tels que les plis des tissus ou les

scanners, comme le flou, influencent directement les résultats manuels ou automatiques. En général, la morphologie et le filtrage spatial sont utilisés pour améliorer le QI Basavanhally et al. [173] Karaçali and Tözeren [139]. Cependant, si nous convertissons l'image RVB en une image en échelle de gris, nous pouvons diminuer la variation des couleurs, mais nous perdons beaucoup d'informations. C'est pourquoi des techniques de normalisation des couleurs sont utilisées pour résoudre ce problème. Elles consistent à transférer la couleur moyenne de l'image cible vers l'image source et à séparer la tache présentée dans cette dernière. Il existe trois types de normalisation des couleurs : (1) Normalisation globale des couleurs, (2) Normalisation des couleurs après séparation des taches par une méthode supervisée, (3) Normalisation des couleurs après séparation des taches par des méthodes non supervisées. La normalisation globale de la couleur se fait par la séparation des informations sur la couleur et l'intensité dans l'espace. Les deux autres types utilisent la séparation des taches avant la normalisation. Un résumé des différentes méthodes de normalisation des couleurs pour les images histopathologiques est présenté dans Roy et al. [174]. Sur la base de la discussion des différentes méthodes dans cette revue, la normalisation des couleurs avec préservation de la structure Vahadane et al. [175] donne de meilleurs résultats que toutes les méthodes de normalisation des couleurs présentées, adaptées aux ensembles de données des images d'histopathologie du cancer du sein Roy et al. [174].

5.4.4 Adaptation du modèle

Récemment, les modèles d'apprentissage profond (DL), en particulier les réseaux neuronaux convolutifs (CNN), ont attiré davantage l'attention dans le domaine de la pathologie digitale. Les modèles DL montrent une cartographie précise de l'entrée à la sortie en pathologie digitale dans différentes applications Mejbri et al. [176] Esteva et al. [177] Bejnordi et al. [178]. Malheureusement, les modèles DL souffrent de la généralisation lorsqu'ils sont confrontés à des conditions différentes de celles qu'ils rencontrent pendant la phase d'entraînement Moreno-Torres et al. [179]. En pathologie digitale, les modèles formés avec soin sur l'ensemble de données annotées pourraient rencontrer des diapositives de mauvaise qualité en raison de différents facteurs cités dans les sections précédentes. Même si la distorsion n'est pas le pire des cas, elle peut toujours affecter les performances du modèle Bianchi et al. [180]. Ainsi, si le QI, en particulier en pathologie digitale, est flou et ne peut pas être amélioré dans certains cas, comment peut-il affecter le développement des modèles DL ? L'évaluation de la qualité des images pour les tâches de vision par ordinateur est différente de l'évaluation perceptuelle du point de vue des sujets humains. L'ordinateur peut reconnaître des images que l'observateur humain ne peut distinguer du bruit Wright et al. [181] ; il peut être trompé par des images qui sont identiques par la perception humaine Goodfellow et al.

[182]. Au cours de la dernière décennie, les chercheurs se sont beaucoup intéressés à savoir comment la qualité des données affecte les modèles d'apprentissage profond Vasiljevic et al. [183] Grm et al. [184] da Costa et al. [185]. Dans Karam and Zhu [186], les auteurs ont présenté un ensemble de données de reconnaissance des visages avec cinq types différents de distorsions de qualité sans évaluer aucun modèle dessus. Une approche de représentation éparsée est appliquée à cet ensemble de données et permet d'obtenir une bonne performance Tao et al. [187]. Dans Dodge and Karam [188], la performance de l'apprentissage profond sous différents types de distorsions de qualité est évaluée. Avec cinq types de distorsions de qualité : flou, bruit, contraste, compression JPEG et JPEG2000, l'étude montre que les réseaux existants sont sensibles à ces types, en particulier au bruit et au flou.

Dans Yim and Sohn [189], la performance du CNN est améliorée sur des données de qualité dégradée pour une tâche de classification. L'étude porte sur la compression JPEG avec perte et sur trois types de bruit populaires : le bruit gaussien, le bruit sel et poivre et le bruit de chatoiement. Partant de l'intuition que les contours, les arêtes et les composantes de couleur de l'objet sont améliorés même après une perte de qualité, l'approche proposée se compose d'une méthode de débruitage d'entrée et d'une architecture à double canal pour maintenir une performance stable dans des tâches réelles. Zheng et al. [190] améliorent la robustesse générale du modèle DL afin de rendre invisible les petites perturbations de l'image d'entrée grâce à un apprentissage à la stabilité, ce qui constitue une méthode efficace pour maintenir les réseaux neuronaux contre les distorsions naturelles. L'approche proposée entraîne le modèle à être constant sur les images qui sont des copies de l'image d'entrée avec de petites perturbations. La performance du modèle stabilisé est robuste pour la détection et la classification sur l'ensemble de données bruitées. Une autre approche consiste à identifier et à corriger les filtres convolutionnels les plus sensibles au bruit. Dans Borkar and Karam [191], une approche proposée appelée DeepCorrect permet d'identifier les filtres les plus sensibles aux distorsions ; l'approche appliquée à chaque sortie identifiée avec un petit empilement de couches convolutionnelles avec des connexions résiduelles et les a retraitées afin de corriger la distorsion la plus grave affectant le filtre. DeepCorrect améliore la robustesse des réseaux neuronaux profonds pour les tâches de classification, de reconnaissance d'objets et de classification de scènes. Suivant la même idée, Alessandro Bianchi et al. Bianchi et al. [180] utilisent une stratégie d'apprentissage par transfert pour améliorer la robustesse du classificateur de réseaux neuronaux en ajustant les filtres convolutifs les plus sensibles aux distorsions.

5.5 Solutions aux problèmes de qualité du marquage

Afin de surmonter ces inconvénients de marquage, qui influencent le diagnostic, nous passons ici brièvement en revue certaines solutions pour améliorer le processus de QM à l'aide de modèles d'apprentissage profond, comme le montre la figure 5.5. Comme nous pouvons le voir dans la figure 5.5, nous étudions ici la QM à partir d'erreurs de marquage et d'étiquettes limitées. En pratique, quatre étapes sont couramment utilisées pour les problèmes de marquage dans le domaine de la science des données et de l'apprentissage machine : processus de marquage, traitement des données, conception du modèle, analyse des résultats et correction. Ces étapes seront détaillées dans la suite en fournissant des solutions à la fois pour les erreurs de marquage et les problèmes d'étiquetage limité (Figure.5.5).

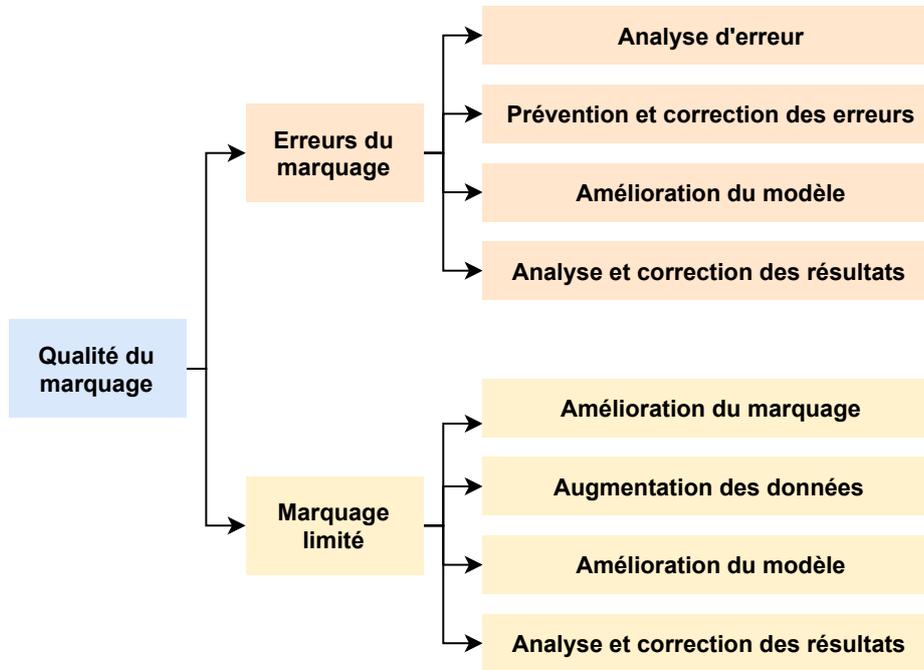


Fig. 5.5 Etude de la qualité du marquage dans le domaine de la pathologie digitale.

5.5.1 Solutions pour les erreurs de marquage

Nous commençons par décrire les solutions aux erreurs de marquage. Dans l'exploration de données, la procédure d'analyse des erreurs et de génération de solutions pour différentes situations est illustrée dans la figure 5.6. Elle comprend quatre étapes : l'échantillonnage aléatoire, la classification des types d'erreurs, l'évaluation du taux d'erreurs et la génération de solutions pour différentes situations. Avant l'analyse des données, le nettoyage des erreurs

de marquage est nécessaire pour améliorer les performances des modèles de détection et de classification des cellules. Notez que les solutions pour les erreurs de marquage dépendent à la fois du type d'erreur et du taux d'erreur.

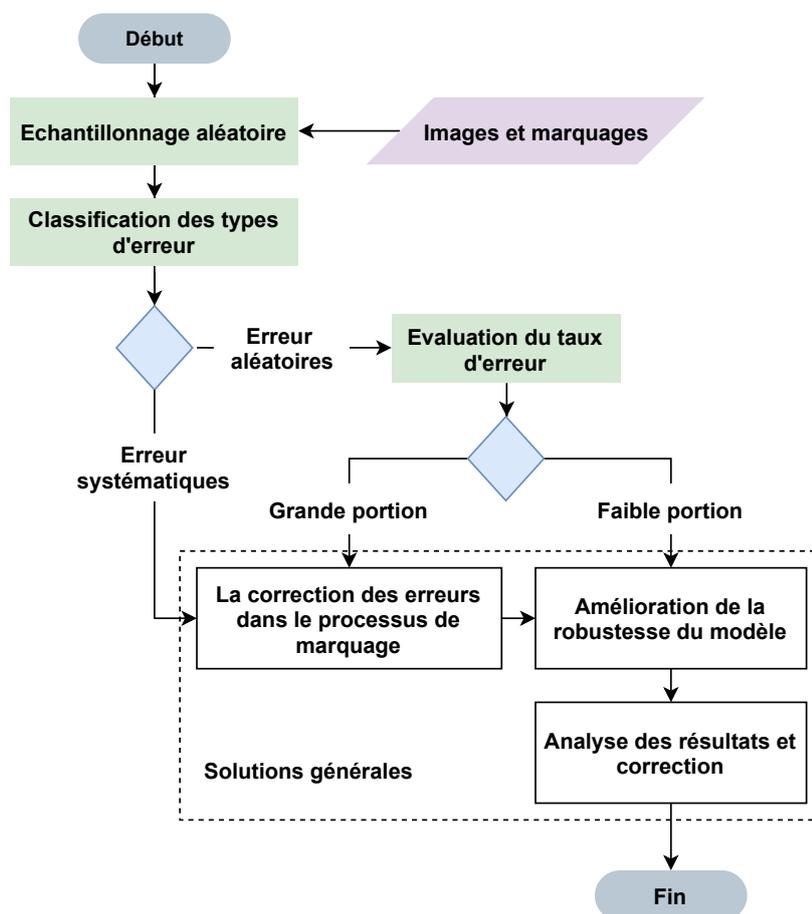


Fig. 5.6 Analyse des erreurs de marquage sur la performance des modèles de l'IA

5.5.2 Processus de marquage : Analyse des erreurs

Tout d'abord, nous décrivons la classification des types d'erreurs. Les erreurs de marquage sont divisées en erreurs presque aléatoires et en erreurs systématiques (Figure.5.6). Deux erreurs sont causées par des raisons différentes et ont des solutions différentes. Les erreurs presque aléatoires sont causées par la négligence du pathologiste comme un mauvais clic lors du marquage. Au contraire, les erreurs systématiques sont dues aux erreurs de cognition du pathologiste. Il est donc nécessaire de procéder à une analyse préalable du type et de la proportion d'erreurs. Pour l'erreur systématique, elle doit être corrigée avant d'être utilisée

pour la segmentation et la classification des cellules. Bien qu'il faille plus de temps pour les corriger manuellement, il est essentiel d'améliorer la précision du modèle.

En ce qui concerne l'erreur aléatoire, si elle est suffisamment proche de l'erreur aléatoire et que l'ensemble des données est important, les modèles d'apprentissage machine, en particulier les modèles d'apprentissage profond, sont généralement résistants aux erreurs aléatoires. Les solutions pour les erreurs de marquage presque aléatoires comprennent l'amélioration de la robustesse des modèles, l'analyse des performances du modèle sur différents pourcentages d'erreurs de marquage Agarwal et al. [192], Halpern et al. [193], Banda et al. [194], Newton et al. [195], Rolnick et al. [196].

Si la performance est significativement affectée par des erreurs de modèle, la correction est nécessaire. Dans le cas contraire, il n'est pas nécessaire de modifier les erreurs de marquage car cela prend du temps.

Deuxièmement, nous passons en revue l'évaluation du taux d'erreur. Pour analyser l'influence des différents niveaux d'erreur, on peut utiliser un ensemble d'échantillons dans les données de l'ensemble d'entraînement ou de l'ensemble de test pour compter les erreurs de sortie du modèle causées par les erreurs de marquage, et donner une probabilité utilisée pour la correction des résultats. Cela peut également aider à obtenir la précision réelle du modèle causée par le choix du modèle. Si les erreurs causées par les erreurs de marquage représentent une grande partie des erreurs de sortie du modèle, la modification des étiquettes d'erreur est plus utile. Elle peut conduire à une amélioration significative de la précision du modèle. Dans le cas contraire, il n'est pas nécessaire de modifier les erreurs de marquage. L'évaluation du taux d'erreur consiste à estimer le pourcentage d'erreur dans les résultats d'annotation des différents pathologistes. Un échantillonnage aléatoire avec la même distribution uniforme et la même probabilité est adopté pour sélectionner les images de marquage. Le taux d'erreur des différents pathologistes est calculé à partir du comptage des cellules des mauvais marquages et des bons marquages dans les images sélectionnées.

5.5.3 Traitement des données : Prévention et correction des erreurs

Pour les erreurs systématiques et une grande partie des erreurs aléatoires, la correction des erreurs est obligatoire. Cependant, si les numéros de cellule sont significatifs, il est impossible de corriger toutes les erreurs. La question de savoir comment éviter les erreurs de marquage et ensuite corriger les erreurs à moindre coût est importante. À ce problème, les pathologistes se répartissent généralement la tâche d'annotation. Ils forment des techniciens à l'annotation manuelle et vérifient ensuite l'exactitude des annotations des techniciens. Une stratégie pour prévenir les erreurs consiste à limiter le nombre et la complexité des annotations. Garantir le QI est une approche cruciale pour simplifier les annotations. L'autre consiste à améliorer le

niveau professionnel et la quantité de techniciens formés. Le crowdsourcing des annotations d'images qui utilisent des outils basés sur le web pour obtenir l'aide d'un grand nombre de personnes a été étudié et pourrait être une solution réalisable Hughes et al. [197].

La correction des erreurs peut se faire manuellement ou à l'aide d'outils informatiques. Actuellement, l'examen par un pathologiste professionnel est l'approche la plus couramment utilisée pour vérifier et corriger les résultats des annotations Aeffner et al. [148]. Toutefois, si les marquages qui ont besoin d'être révisés sont nombreux, il s'agit toujours d'un travail à forte intensité de main-d'œuvre.

De nombreux outils informatiques sont disponibles pour annoter automatiquement les cellules Aeffner et al. [148], mais il faut quand même qu'un pathologiste vérifie les résultats et évalue la précision. Dans l'apprentissage machine, il est possible de trouver des marquages d'erreur en analysant l'ambiguïté de la probabilité de classification. Si les données sont bien marquées, les deux classes sont faciles à distinguer, et la différence de leur probabilité de classification est significative. Au contraire, la probabilité de classification d'un marquage d'erreur pour deux classes a besoin d'une ambiguïté évidente. Les outils informatiques de correction des erreurs peuvent être conçus sur la base de la stratégie ci-dessus.

5.5.4 Conception de modèles : Amélioration du modèle

Récemment, l'apprentissage approfondi a permis d'améliorer les performances des applications d'analyse médicale (Long et al. [198], Tajbakhsh et al. [199], Anthimopoulos et al. [200]). Deep CNN utilise de petites images de mélanomes pour l'apprentissage et effectue une segmentation des régions dans les images de test sur la base du modèle formé. Dans certains domaines, CNN améliore considérablement la capacité de reconnaissance du mélanome en utilisant des caractéristiques convolutionnelles profondes Yu et al. [201]. Nida et al. [202] ont proposé une méthode de détection et de segmentation des lésions du mélanome basée sur une CNN régionale profonde et un pooling flou de la moyenne C (FCM). Les mélanomes sont classés par régions de mélanome segmentées bien définies, connues sous le nom de ROI, ce qui améliore considérablement la capacité de reconnaissance, car la région affectée offre une meilleure représentation des attributs du mélanome par rapport aux caractéristiques conventionnelles. Une fois les régions affectées détectées, la FCM extrait avec précision les plaques affectées avec des limites variables pour reconnaître la maladie. La robustesse de la segmentation des images biomédicales peut être améliorée efficacement par des dépendances spatiales globales et des informations contextuelles globales. He et al. [203] ont exploité les dépendances spatiales globales et les informations contextuelles globales dans une image biomédicale pour se défendre contre les attaques adverses, et ont proposé un encodeur de contexte non-local (NLCE) pour modéliser les dépendances spa-

tiales à court et long terme et encoder les contextes globaux pour renforcer l'activation des caractéristiques par une attention au niveau des canaux. Les modules NLCE renforcent la robustesse et la précision du réseau d'encodage de contexte non local (NLCEN). Kamnitsas et al. Kamnitsas et al. [204] ont exploré des ensembles de modèles et d'architectures multiples (EMMA) pour des performances robustes par l'agrégation de prédictions provenant d'un large éventail de méthodes. Cette approche réduit l'influence des méta-paramètres des modèles individuels et le risque de surajuster la conjuration à une base de données particulière. Sarker et al. Sarker et al. [205] ont présenté un modèle robuste de segmentation des lésions cutanées par apprentissage profond, qui est représenté comme un réseau d'encodeurs-décodeurs. Ils ont utilisé le concept de Pyramid Pooling Network (PPN) Zhang [206] pour produire des cartes de caractéristiques à plusieurs échelles (grossières à fines), puis toutes les échelles sont concaténées ensemble pour obtenir des cartes de caractéristiques plus robustes. En combinant des données d'images avec des rapports, Schlegl et al. Schlegl et al. [207] exploitent les rapports pour améliorer la précision de la classification des images. Ils ont fait valoir que de grandes quantités de données annotées pourraient être difficiles à acquérir et ont proposé d'ajouter des descriptions sémantiques issues des rapports comme marquage. Le système a été formé sur des ensembles d'images et de descriptions textuelles et a appris à prédire les marquages de classe sémantique pendant la durée des tests. Les informations sémantiques augmentent la précision de la classification pour divers pathologistes dans les images de tomographie par cohérence optique (TCO).

L'expression "Inaccucrowdsourcing" fait référence à la situation dans laquelle les informations de supervision ne sont pas entièrement authentiques, ce qui signifie que certaines informations de marquage peuvent être erronées Zhou [208]. La situation mérite l'attention dans la scène où les erreurs de marquage. Le travail de classification concernant le label avec bruit aléatoire est étudié dans Blum et al. [209], Frénay and Verleysen [210], Gao et al. [211], où les labels sont soumis à un bruit aléatoire. En pratique, il y a généralement deux solutions possibles : la première consiste à utiliser directement les marquages au bruit avec une clé d'algorithmes robustes au bruit Van Horn et al. [212]. Une autre solution possible consiste à distinguer les exemples potentiellement mal étiquetés et à essayer ensuite d'apporter quelques corrections. Le défi est d'identifier et de nettoyer le contact négatif de l'étiquetage erroné sur le processus de l'apprentissage Brodley and Friedl [213]. En conséquence, une approche semi-supervisée a été introduite Veit et al. [214]. Il est encourageant de constater que les réseaux neuronaux profonds ont des performances de test significatives, même dans le cas d'un grand nombre de marquages incorrects Rolnick et al. [196], ce qui est puissant pour améliorer la robustesse du modèle. La stratégie de crowd-sourcing, un paradigme populaire pour externaliser le travail à des individus, fournit une solution intéressante pour améliorer les

performances pour l'erreur de marquage Brabham [215]. Pour l'apprentissage machine, c'est un moyen rentable de collecter des marquages pour les données de l'apprentissage lorsque les données sont confiées à un grand nombre de travailleurs d'une grande société pour être relues. Ces travailleurs effectuent de manière autonome la tâche de marquage de l'assigné. Cependant, la contradiction entre l'effet d'économie et le nombre d'étiquettes de foule doit être prise en compte Urner et al. [216], Tran-Thanh et al. [217], Wang and Zhou [218], et une règle de crowd-sourcing puissante est délicate pour éviter les erreurs de marquage dues aux raisons individuelles des travailleurs eux-mêmes Zhong et al. [219], Shah and Zhou [220].

5.5.5 Résultats : Analyse et correction des résultats

Les erreurs de marquage sont généralement inévitables dans la réalité. En outre, tous les marquages erronés ne peuvent pas être entièrement corrigés lorsque l'échantillon est important. L'influence des différents taux d'erreur sur l'évaluation est cruciale et nécessaire. Dans l'apprentissage machine, les erreurs à taux différents sont introduites manuellement dans les marquages des cellules pour former et tester les modèles de détection et de classification des cellules. Les erreurs introduites sont généralement conçues de manière à respecter une distribution uniforme.

Les paramètres d'évaluation qui sont sensibles à l'erreur doivent être sélectionnés. Les mesures statistiques dépendent de mesures à quatre éléments : Vrai positif (TP), Faux positif (FP), Vrai négatif (TN) et Faux négatif (FN). Le TP illustre le nombre de cellules cancéreuses détectées avec précision, tandis que le TN caractérise le nombre de cellules normales détectées avec précision. FP est le nombre de cellules normales détectées à tort comme cellules cancéreuses, tandis que FN représente le nombre de cellules cancéreuses identifiées à tort comme cellules normales. Comme les erreurs de marquage entraînent une mauvaise concordance entre les résultats de la segmentation et de la classification des cellules et les résultats des annotations, nous devrions nous concentrer davantage sur la FP et la FN sous différents taux d'erreur afin d'aider à analyser la limite supérieure de la performance du modèle (la robustesse) et obtenir le taux d'erreur inacceptable. Cela peut également aider à obtenir la précision réelle du modèle causée par le choix du modèle. Si les erreurs causées par les erreurs de marquage représentent une grande partie des erreurs de sortie du modèle, la modification des étiquettes d'erreur est plus utile. Elle peut conduire à une amélioration significative de la précision du modèle. Dans le cas contraire, il n'est pas nécessaire de modifier les erreurs de marquage. Le problème des erreurs de marquage et le problème du nombre limité ou de la véracité des images annotées partagent la même solution pour l'estimation de la précision, l'évaluation de la crédibilité et les résultats des corrections. Le

contenu correspondant est présenté ensemble dans la section 3.2 (la partie de l'analyse et de la correction des résultats).

5.5.6 Solutions pour un marquage limité

Dans l'apprentissage machine, les étiquettes manquantes ou limitées sont le problème d'un petit ensemble d'apprentissage. Une quantité limitée de données d'apprentissage peut conduire à un "suréquipement", et les caractéristiques ne peuvent pas bien généraliser sur les données. Le sur-ajustement devient critique lorsque les données contiennent une grande variabilité dans l'apparence de l'image, ce qui est généralement le cas dans le domaine biomédical. Trois solutions, dont l'augmentation des données, l'apprentissage non supervisé/semi-supervisé et l'apprentissage par transfert, sont couramment adoptées pour résoudre ce problème. Avant de passer en revue ces solutions, nous commençons par discuter du processus de marquage des étiquettes manquantes.

Processus de marquage : Amélioration du marquage

L'amélioration du marquage consiste à augmenter le nombre de cellules annotées. Comme nous l'avons déjà mentionné, l'annotation manuelle et l'annotation assistée par ordinateur sont les principales approches. Pour la première approche, des techniciens bien formés ou le crowdsourcing sont les méthodes d'annotation les plus couramment utilisées. L'outil d'annotation de cellules assistée par ordinateur est utilisé pour aider les pathologistes à annoter les cellules, à détecter et à classer les cellules. Il demande aux pathologistes travaillant dans la boucle d'annoter initialement un petit nombre de cellules et de vérifier aléatoirement la sortie du modèle pour donner un retour d'information sur l'amélioration des performances des modèles. La clé de cet outil est la précision des modèles (modèle de segmentation et de classification des cellules) et la facilité d'utilisation pour les pathologistes, ce qui réduit la charge de travail d'annotation des cellules.

Actuellement, il existe de nombreux logiciels ou outils utilisés pour l'annotation assistée, notamment Medical Imaging Interaction Toolkit (MITK), Qupath, Cell profiler, ImageJ, Cytomine, VisioPharm, Calopix Lee and Liew [221] Perez-Diaz et al. [222]. MITK Tasnadi et al. [223] est un système logiciel libre et gratuit pour le développement de logiciels interactifs de traitement d'images médicales. Dans le cadre de ce logiciel, un outil rapide d'annotation assistée par l'IA est conçu sur la base de l'IA Nvidia Clara. Il utilise la puissance du nuage GPU de Nvidia pour accélérer la segmentation des organes de manière significative en quelques clics seulement. Bien que l'efficacité de tous ces logiciels ait été validée, l'algorithme doit être préprogrammé pour identifier des caractéristiques spécifiques

ou être enseigné pour identifier des caractéristiques ou des structures spécifiques, en utilisant des algorithmes d'apprentissage automatique. En outre, la vérification des résultats des annotations par les pathologistes est inévitable Aeffner et al. [148].

Traitement des données : Augmentation des données

L'augmentation des données Ronneberger et al. [224], Krizhevsky et al. [225] est une solution simple au problème des marquages manquants. Elle se concentre principalement sur l'expansion de l'ensemble d'entraînement en utilisant des transformations aléatoires comme le retournement, la rotation, le zoom et le recadrage par rapport aux données d'origine. Cependant, les nouvelles informations de ce processus peuvent être mineures et complètement inefficaces pour de nombreux types de données. L'augmentation des données, qui consiste à appliquer une petite mutation aux données d'entraînement originales et à créer synthétiquement de nouveaux échantillons, est largement utilisée pour augmenter virtuellement les données d'entraînement Inoue [226]. Il existe deux types de méthodes d'augmentation des données : les données supervisées et les données non supervisées. Parmi celles-ci, l'augmentation de données supervisées peut être divisée en méthodes d'augmentation de données à échantillon unique et à échantillons multiples. L'augmentation de données non supervisées est divisée en deux directions : la génération de nouvelles données et l'apprentissage de stratégies d'augmentation.

Augmentation de données supervisée : Une partie de l'image peut être sélectionnée pour une transformation géométrique, y compris le retournement, la rotation, le recadrage, le morphing, la mise à l'échelle, etc. Szegedy et al. [227]. Cependant, cela ne fait que redistribuer les pixels et ne modifie pas le contenu de l'image elle-même. La transformation des couleurs modifiera le contenu de l'image, y compris le bruit, le flou, la transformation des couleurs, l'effacement et le rembourrage. Le bruit aléatoire gaussien est ajouté aux données de l'image originale, ajoutant ou soustrayant de nouvelles composantes de couleur ou modifiant l'ordre des canaux de couleur. S'inspirant d'une technique qui s'est révélée efficace pour la reconnaissance de caractères manuscrits Ha and Bunke [228], Chawla et al. Chawla et al. [229] ont proposé une approche de suréchantillonnage dans laquelle la classe minoritaire est suréchantillonnée en créant des exemples synthétiques plutôt que par un suréchantillonnage avec remplacement. Comme le montrent certaines techniques existantes telles que Chawla et al. [229], Perez and Wang [230], Inoue H. Inoue [226] a introduit une technique d'augmentation des données simple mais étonnamment efficace, appelée SamplePairing, pour les tâches de classification des images. Elle permet de synthétiser une nouvelle image à partir de deux images choisies au hasard dans l'ensemble d'entraînement en faisant juste la moyenne de l'intensité de deux images pour chaque pixel. Zhang H.

et al. Zhang et al. [231] ont introduit une routine d'augmentation des données simple et agnostique, appelée mixup, qui étend la distribution de l'apprentissage en incorporant les connaissances préalables selon lesquelles les interpolations linéaires des vecteurs de caractéristiques devraient conduire à des interpolations linéaires des cibles associées. Ils ont montré que la confusion est une forme de minimisation du risque vicinal, qui s'entraîne sur des exemples virtuels construits comme l'interpolation linéaire de deux exemples aléatoires de l'ensemble d'apprentissage et de leurs marquages.

Augmentation non supervisée des données : Les méthodes d'augmentation de données non supervisées comprennent deux catégories : la première consiste à apprendre la distribution des données par le modèle, à générer aléatoirement une image cohérente avec la distribution de l'ensemble de données de l'apprentissage, représentant la méthode des réseaux adversatifs générateurs (GAN) Goodfellow et al. [232]. Dans Goodfellow et al. [232], les auteurs ont proposé un framework de réseaux adversaires générateurs, dans lequel le modèle génératif est opposé à un adversaire : un modèle discriminatoire qui apprend à déterminer si un échantillon provient de la distribution du modèle ou de la distribution des données. Deux modèles sont formés simultanément : un modèle génératif (GM) qui capture la distribution des données. Un modèle discriminatif (DM) estime la probabilité qu'un échantillon provienne des données d'entraînement plutôt que du GM. La procédure d'apprentissage du MG consiste à maximiser la probabilité que le MD fasse une erreur. L'autre est d'apprendre une méthode d'amélioration des données adaptée à la tâche en cours grâce au modèle, représentant la méthode AutoAugment. Dans Cubuk et al. [233], les auteurs décrivent une procédure simple appelée AutoAugment pour rechercher automatiquement des politiques d'augmentation de données améliorées, où un algorithme de recherche est utilisé pour trouver les meilleurs choix et ordres de ces opérations de sorte que l'apprentissage d'un réseau neuronal donne les meilleurs résultats. Les expériences approfondies montrent que l'AutoAugment permet d'obtenir d'excellentes améliorations dans deux cas d'utilisation : (1) AutoAugment peut être appliqué directement sur l'ensemble de données d'intérêt pour trouver la meilleure politique d'augmentation (AutoAugment-direct) et (2) les politiques apprises pourraient être transférées vers de nouveaux ensembles de données (AutoAugment-transfert).

Conception de modèles : Amélioration du modèle

Nous concevons maintenant des stratégies d'apprentissage semi-supervisé ou non supervisé dans les modèles pour traiter les marquages manquants.

Apprentissage semi-supervisé : Les méthodes de classification semi-supervisées sont des outils appropriés pour aborder les ensembles de l'apprentissage comportant de grandes quantités de données non marquées et une petite quantité de données marquées. Le paradigme

de l'apprentissage semi-supervisé (SSL) a suscité beaucoup d'intérêt dans de nombreux domaines différents, allant de la bioinformatique à l'exploration du web, où il est plus facile d'obtenir des données non marquées que des données marquées car cela nécessite moins d'efforts, d'expertise et de temps. Dans ce contexte, l'apprentissage supervisé traditionnel se limite à l'utilisation de données marquées pour construire un modèle. Néanmoins, le SSL est un paradigme d'apprentissage qui concerne la conception de modèles en présence de données marquées et non marquées Guillaumin et al. [234]. La co-formation Blum and Mitchell [235] est une technique d'apprentissage semi-supervisée qui s'applique aux classificateurs discriminants et est conçue pour des environnements comme le nôtre où les données sont décrites à l'aide de plusieurs ensembles de caractéristiques différentes. L'idée est d'apprendre un classificateur distinct en utilisant chaque ensemble de caractéristiques et d'ajouter itérativement des exemples de l'apprentissage pour chaque classificateur en fonction des résultats de l'autre classificateur.

Apprentissage actif : L'apprentissage actif est un algorithme qui utilise à la fois des échantillons non marqués et des échantillons marqués pour l'apprentissage automatique Settles [236]. Il est différent de l'apprentissage semi-supervisé qui ne nécessite pas de participation manuelle, et l'apprentissage actif requiert une intervention humaine. Les données non marquées les plus précieuses qui sont interrogées sont annotées par des experts (oracle) pour compléter l'ensemble des échantillons marqués afin d'améliorer la précision du classificateur. Face à quelques données marquées et à des données non marquées adéquates, le défi de l'apprentissage actif est de sélectionner les données non marquées les plus précieuses pour une intervention manuelle, en minimisant le coût de l'apprentissage du modèle pour obtenir les meilleures performances. L'informativité et la représentativité sont deux critères largement appliqués pour mesurer la performance de l'instance Huang et al. [237], où l'informativité indique dans quelle mesure les échantillons sélectionnés peuvent atténuer l'incertitude du modèle et la représentativité incarne la contribution à l'acquisition de structures d'entrée. D'une part, le critère informationnel mesure la quantité d'informations par l'entropie de l'information. Plus l'entropie informationnelle de l'échantillon est grande, plus il contient d'informations, et plus l'influence sur l'incertitude du modèle est importante, il est confirmé qu'il s'agit bien de l'échantillon interrogé citelewis1994sequential. Le principal inconvénient, cependant, est que la méthode repose largement sur des données marquées. La performance n'est satisfaisante que si vous fournissez de nombreux exemples de marquage. D'autre part, les méthodes basées sur la représentativité utilisent généralement des stratégies de pooling pour distinguer la structure par espèce des données non étiquetées Dasgupta and Hsu [238]. Néanmoins, cela repose fortement sur des résultats de pooling dominés par des données non étiquetées, surtout s'il n'y a que quelques exemples Huang et al. [237], Wang and Ye [239].

Apprentissage non supervisé : L'apprentissage non supervisé est un moyen efficace de traiter les données de l'apprentissage non marquées et peut être appliqué pour améliorer la conception du modèle avec un marquage limité. Les méthodes de segmentation les plus courantes comprennent les seuils automatiques, les opérations morphologiques et les modèles de contour actifs. Wu et al. [240] ont choisi la méthode d'ajustement de l'ellipse et ont conçu une fonction à coût minimal avec une forme elliptique pour distinguer la limite du noyau dans l'image des cellules cancéreuses du col de l'utérus. Bamford et al. [241] ont adopté un modèle de contour actif pour segmenter le noyau et localiser la limite de perte minimale de l'image grâce à une stratégie de programmation dynamique pour réaliser la segmentation nucléaire afin d'éviter les effets non marqués. Harandi et al. [242] ont utilisé la méthode du contour actif et la méthode du seuil pour segmenter la limite de la cellule cervicale et la région du noyau, respectivement, puis ont utilisé un modèle de contour actif spécifique pour distinguer le cytoplasme de l'image d'une seule cellule, obtenant ainsi un bon effet de segmentation. Yang-Mao et al. [243] ont analysé le gradient des images des cellules cervicales par la technique du seuil automatique, et ont efficacement extrait les pixels de la limite du noyau, et ont obtenu une précision de segmentation satisfaisante. Bouzid-Daho et al. [244] ont transformé l'image des cellules sanguines en transformant les espaces de couleur RGB et Lab, et ont efficacement segmenté la région des globules blancs en utilisant l'algorithme de pooling des moyennes K dans l'espace transformé. L'apprentissage non supervisé offre une méthode efficace pour traiter les données de l'apprentissage non marquées. Il ne repose que sur les caractéristiques des données pures et ne nécessite pas de données auxiliaires marquées, ce qui est significatif pour l'amélioration des performances du modèle sans marquage.

L'apprentissage par transfert: est un framework d'apprentissage machine et d'exploration de données nouveau mais efficace pour l'analyse et l'utilisation de données différemment distribuées. Il s'agit d'un processus d'apprentissage qui transfère le framework et le contenu des connaissances construits par l'apprentissage dans le domaine source vers le domaine cible en utilisant les similitudes entre les données, les caractéristiques, les modèles ou les tâches. Contrairement à la méthode traditionnelle d'apprentissage machine, l'apprentissage par transfert permet aux données de l'apprentissage et de test d'avoir besoin de différentes distributions Pan and Yang [245], Hu et al. [246]. Selon le degré et les types similaires de l'objet transféré entre deux domaines, les méthodes peuvent être divisées en quatre ou cinq catégories. Les recherches précédentes sont principalement axées sur l'apprentissage de transfert basé sur un modèle, l'apprentissage de transfert basé sur l'adversaire et l'apprentissage de transfert hybride.

Apprentissage par transfert basé sur un modèle : L'apprentissage approfondi permet d'obtenir des résultats de pointe dans différentes applications d'apprentissage machine, y compris dans le domaine biomédical. Néanmoins, le modèle CNN profond a besoin de nombreuses données d'apprentissage pour obtenir de bonnes performances, mais le manque de données en limite souvent l'utilisation. L'objectif de l'apprentissage par transfert basé sur un modèle est de réutiliser la représentation de l'image, qui a été formée par de nombreux échantillons marqués dans la tâche source et de l'appliquer à l'ensemble de données cible et à la tâche cible Yosinski et al. [247]. Le schéma de réutilisation est réalisé en héritant de la structure, des paramètres ou des poids des modèles formés. Il comprend deux techniques : le réglage fin du modèle et les couches gelées. Le réglage fin implique la rétropropagation des erreurs des nouvelles tâches dans les couches copiées. Les couches initialisées à partir du modèle préformé sont gelées et n'ont pas besoin d'être retravaillées. Elles sont comme des modules à fonction fixe ; elles doivent seulement conserver leurs capacités d'origine Bayramoglu and Heikkilä [248]. Ces modèles préformés proviennent généralement de réseaux profonds bien connus qui ont été formés avec succès sur des ensembles de l'apprentissage générale à grande échelle Shin et al. [249], Bar et al. [250], Howard et al. [251]. Les chercheurs ont constaté que même si seule la dernière couche de ces réseaux de pré-formation est modifiée, il est également probable d'obtenir des résultats de haute précision après qu'un petit nombre d'échantillons ait été utilisé pour former cette couche, en particulier dans le domaine de l'image médicale Bar et al. [250].

L'apprentissage par transfert basé sur l'adversité : il utilise principalement la technologie GAN. Cette méthode appartient à l'apprentissage non supervisé et peut générer de nouveaux échantillons de données pour un grand ensemble de données non classifié donné Goodfellow et al. [232]. Le modèle consiste en deux réseaux concurrents indépendants, qui peuvent apprendre et créer d'autres images fiables par la confrontation des deux réseaux, élargissant ainsi l'ensemble de l'apprentissage Radford et al. [252], Frid-Adar et al. [253]. Le GAN peut également être considéré comme une méthode d'apprentissage semi-supervisée. Dans ce cas, il utilise non seulement un grand nombre d'images non classifiées mais aussi un petit nombre d'images du même type pour améliorer le résultat de la classification Odena [254], Salimans et al. [255]. Cependant, lorsqu'il y a trop peu d'échantillons appartenant à chaque catégorie, ces méthodes ne peuvent pas bien fonctionner.

Apprentissage hybride par transfert : il combine plus d'un type de méthodes d'apprentissage par transfert. Par exemple, il utilise une combinaison de méthodes d'apprentissage par transfert basées sur l'adversité et de méthodes d'apprentissage par transfert basées sur un modèle. Une autre méthode consiste à former le GAN sur la base de l'ensemble de données d'images non classées avec une grande quantité de données, puis à affiner l'un de ses réseaux en

utilisant l'ensemble de données d'images avec une petite quantité de données Vondrick et al. [256], Ahsan et al. [257]. Moran et al. Rubin et al. [258] ont proposé la méthode TOP-GAN, qui transfère un GAN préformé. Dans la recherche sur la classification des images médicales, cette méthode, qui combine la technologie d'apprentissage par transfert et la technologie GAN, peut résoudre le problème du manque de données dans l'ensemble de l'apprentissage et peut être appliquée au diagnostic des cellules cancéreuses. Pour résoudre le problème de la pénurie de données dans l'ensemble de l'apprentissage, un grand nombre d'images non classifiées d'un autre type de cellules sont utilisées pour former le GAN. Sur la base des résultats préliminaires de l'apprentissage, la dernière couche du réseau est modifiée et ajustée avec le nouveau réseau. Enfin, on obtient un classificateur qui peut automatiquement classer les types de cellules cibles, c'est-à-dire santé, cancer primaire, métastatique ou cancer. La précision de cette méthode a permis une amélioration significative par rapport aux autres méthodes classiques visant à résoudre le problème des petits ensembles d'entraînement.

Résultats : Analyse et correction des résultats

Nous développons maintenant des stratégies d'analyse et de correction des résultats de la reconnaissance cellulaire pour traiter les marquages manquants ou limités.

L'objectif de la pathologie digitale est de fournir des résultats précis d'identification cellulaire pour aider les médecins à prendre des décisions de traitement appropriées. L'exactitude des résultats est cruciale mais difficile à vérifier et à valider. Pour faire un bilan éventuel de l'analyse et de la correction des résultats, nous nous sommes inspirés de travaux connexes dans le domaine de l'apprentissage automatique et de l'analyse des données et avons conclu qu'il existe trois solutions principales.

Estimation de la précision : Comme le nombre de cellules en pathologie digitale est trop important, le pathologiste ne peut pas évaluer et vérifier tous les résultats. Les technologies d'échantillonnage peuvent être utilisées pour sélectionner les résultats de l'identification des cellules pour l'estimation et la vérification de la précision. Les images de différents RSI peuvent être échantillonnées en utilisant des méthodes d'échantillonnage (énumérées dans 5.5.1) pour calculer la précision de l'identification, qui est l'estimation statistique de la précision réelle.

Évaluation de la crédibilité des résultats : La crédibilité des résultats de l'identification des cellules est nécessaire pour la pathologie digitale mais rarement évaluée. La plupart des études se concentrent sur l'amélioration du volume des données et de la performance des modèles pour augmenter la précision et améliorer indirectement la crédibilité. Cependant, il est difficile d'évaluer dans quelle mesure la crédibilité est améliorée. Après avoir passé en revue les travaux précédents sur la science des données, nous obtenons deux approches

possibles, dont l'évaluation de la crédibilité, en mesurant la similitude entre les données de l'apprentissage des modèles et les données de test et la relation d'analyse quantitative entre le numéro de marquage et la précision.

Correction des résultats : Si les résultats de l'estimation de la précision et de l'évaluation de la crédibilité ne sont pas satisfaisants, certaines méthodes de correction des résultats peuvent être utilisées pour aider à augmenter les deux mesures. Comme le modèle peut identifier avec succès les cellules facilement identifiables, la correction des résultats par le manuel peut être utilisée pour annoter les cellules manquantes et corriger les cellules d'identification erronées dans la sortie du modèle. Si le nombre de cellules manquantes et de cellules d'identification erronées est important, le pathologiste peut en corriger une petite partie, puis les réintroduire dans le modèle pour donner un retour d'information.

5.6 Discussion

Dans ce chapitre, nous avons passé en revue de nombreux outils d'apprentissage machine pour le QI et le QM . L'objectif principal était de souligner l'importance d'inclure l'expertise du pathologiste dans l'annotation et l'évaluation des images pour la détection des cellules.

Les solutions pour la qualité des images ont été classées en fonction du flux de travail du pathologiste. Les premières étapes de la préparation des lames nécessitent l'expertise du technicien en matière de coupe, de coloration et de lavage. Ensuite, pour garantir une qualité acceptable des LSI, il faut procéder à l'étalonnage des scanners numériques et à l'inspection. Il n'existe pas de seuil standard pour accepter ou refuser l'image pour un diagnostic manuel ou automatique. En outre, en raison de la grande taille du WSI, l'évaluation subjective du pathologiste n'est pas suffisante, et des méthodes automatiques d'évaluation de la qualité de l'image sont utilisées pour détecter les points scannés présentant des artefacts et minimiser le temps d'inspection. De plus, dans certains cas, nous sommes obligés de travailler avec des images altérées, ce qui affecte la conception et la performance des modèles d'apprentissage profond. De nombreuses tentatives ont abordé cette question et ont tenté de se concentrer sur la robustesse du modèle face à des images de faible qualité. Il a été démontré que la meilleure façon de garantir la performance du modèle est d'identifier l'effet de la distorsion sur le modèle et d'améliorer les parties sensibles du modèle en changeant la structure interne ou en utilisant des techniques d'apprentissage par transfert uniquement sur ces parties. Cependant, la plupart de ces études se sont concentrées sur les images naturelles, ce qui ouvre la porte aux chercheurs pour l'appliquer à la pathologie digitale.

Les solutions aux erreurs de marquage ont été classées en quatre types : analyse des types et du taux d'erreurs, correction des erreurs de marquage manuellement et à l'aide

d'outils informatiques, amélioration du modèle en termes de robustesse et d'apprentissage de la supervision, évaluation et correction des résultats. La plupart des études ont porté sur l'amélioration des performances du modèle et sont rarement liées à l'analyse et à la correction des erreurs de marquage. Cependant, l'obtention de résultats précis d'identification des cellules est un processus systématique dans la pratique et ne dépend pas seulement de la performance du modèle. L'analyse des types et du taux d'erreur est nécessaire pour concevoir des solutions efficaces correspondantes. En outre, d'autres domaines tels que la science des données ont besoin de beaucoup de recherches sur l'analyse et la correction des erreurs. Certaines techniques pourraient être transférées à la pathologie digitale. Les solutions pour les marquages manquants ou limités sont classées en trois types, dont l'augmentation des données, l'apprentissage non supervisé ou semi-supervisé, et l'apprentissage par transfert. La plupart des études se sont concentrées sur l'augmentation des données et l'apprentissage par transfert. Les recherches sur l'apprentissage semi-supervisé, en particulier l'apprentissage non supervisé, ne sont pas suffisantes. Les problèmes de manque de marquage et de limitation des labels sont courants dans la pratique. En raison du peu d'informations contenues dans les images marquées, l'augmentation des données peut apporter une amélioration limitée de la précision. L'extraction d'informations à partir de données non étiquetées par apprentissage non supervisé et apprentissage semi-supervisé et l'utilisation d'images étiquetées ou de modèles utilisant l'apprentissage par transfert d'autres types de cellules peuvent permettre d'obtenir plus d'informations pour la pathologie digitale et d'obtenir des résultats plus précis en cas d'absence ou de limitation du marquage.

Nous en venons maintenant à présenter les deux approches assistées par ordinateur proposées pour la vérification et la correction des erreurs d'annotation, et pour le problème de QM, respectivement :

a) **Approche 1** : vérification et correction des erreurs à l'aide de l'outil d'échantillonnage - évaluation de l'importance de l'échantillonnage - échantillonnage. Inspirés par les méthodes statistiques, nous proposons une méthode efficace basée sur les technologies d'échantillonnage pour optimiser la sélection des résultats d'annotation des différents pathologistes pour examen et correction. L'objectif est de concevoir une méthode d'échantillonnage appropriée permettant de trouver efficacement les marquages d'erreur. Statistiquement parlant, la méthode d'échantillonnage peut être classée en échantillonnage de base, échantillonnage de rejet, échantillonnage d'importance, échantillonnage de Metropolis, échantillonnage de Metropolis-Hasting, échantillonnage de Gibbs, échantillonnage par tranche, et échantillonnage d'évaluation d'importance (SIR), etc. Si l'on considère que les résultats de marquage des différents pathologistes ont des taux d'erreur variés dus à des niveaux professionnels différents, l'échantillonnage de base et l'échantillonnage par importance ne sont pas adap-

tés à cette tâche car les taux d'erreur sont inconnus. La méthode d'échantillonnage SIR est plus adaptée à la situation pratique et peut améliorer considérablement l'efficacité de l'échantillonnage. Son idée principale est de sélectionner avec précision les résultats de marquage de différents pathologistes en fonction de leur taux d'erreur. Le processus comprend trois étapes principales : l'échantillonnage avec la même probabilité, l'évaluation de l'importance et le rééchantillonnage (échantillonnage d'importance), voir figure 5.7.

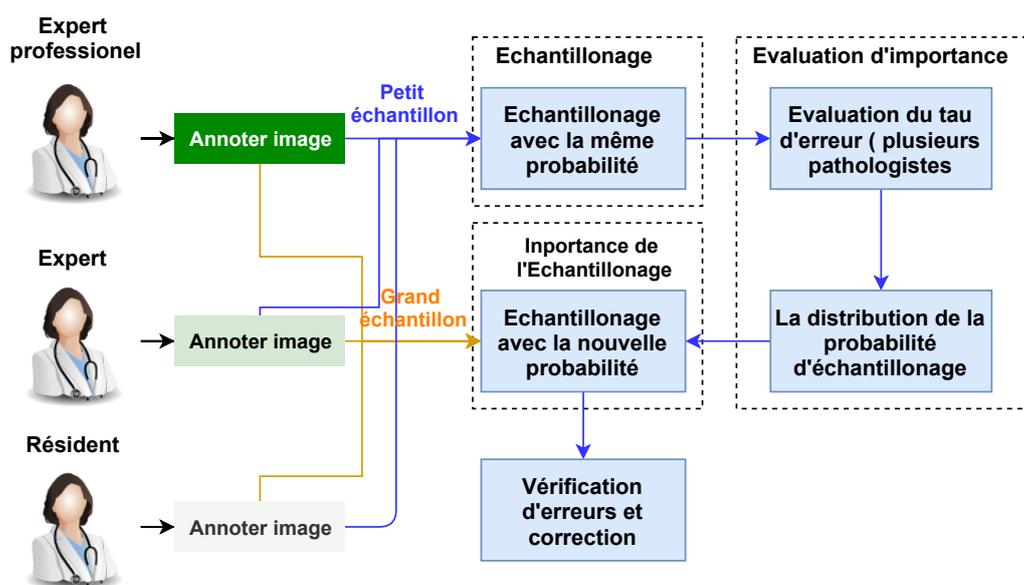


Fig. 5.7 Vérification et correction des erreurs par la méthode d'échantillonnage - évaluation de l'importance de l'échantillonnage

(b) **Approche 2** : un outil d'annotation de cellule assisté par ordinateur pour le problème de QM. Pour l'annotation des cellules en tenant compte du problème de QM, nous proposons un outil d'annotation de cellules assistée par ordinateur basé sur la combinaison de toutes les solutions possibles pour les erreurs de marquage et les problèmes limités de marquage énumérés dans cette étude. Son organigramme est présenté dans la figure 5.8. Il se compose principalement de trois modules : analyse et correction des erreurs, modèles et stratégies d'amélioration, résultats de l'évaluation et correction. Au début, les pathologistes annotent une petite partie des données d'images. Les images de marquage obtenues sont analysées pour la classification des types d'erreur et l'évaluation du taux d'erreur. S'il y a des erreurs systématiques et une grande proportion d'erreurs aléatoires, la correction d'erreur est utilisée pour les images de marquage choisies au hasard avec une certaine probabilité. Toutes les données d'images, y compris les marquages corrigés, sont utilisées pour entraîner et tester les modèles de segmentation et de classification des cellules. Les pathologistes échantillonnent au hasard les sorties du modèle en utilisant la méthode d'échantillonnage

SIR pour une vérification et une correction rapide des résultats. En outre, l'évaluation et la correction des résultats sont adoptées pour donner les mesures de performance du modèle, évaluer l'influence des différents taux d'erreur, puis corriger les résultats et les mesures de performance. Enfin, des stratégies d'ajustement des modèles sont générées pour donner un retour d'information aux modèles afin de les améliorer.

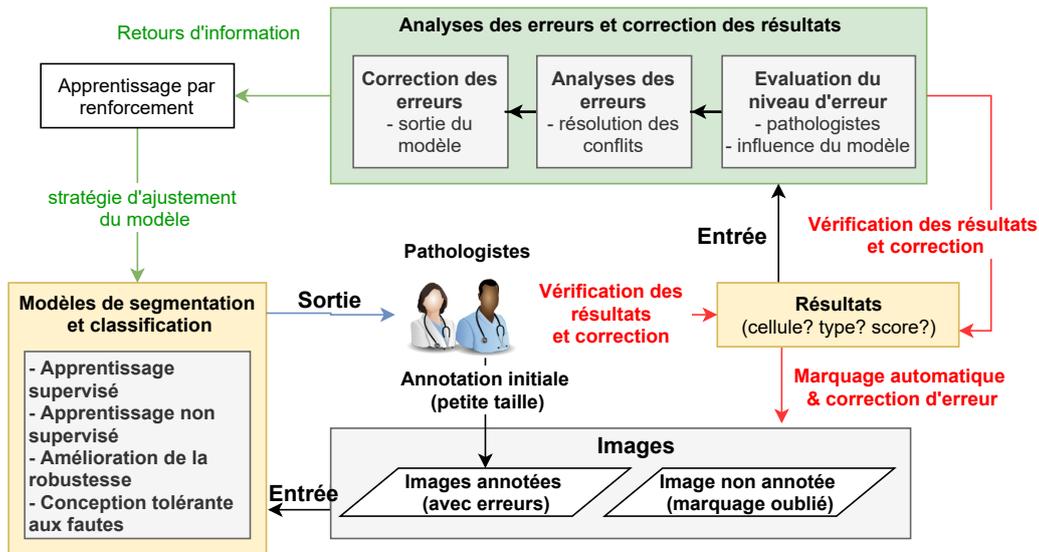


Fig. 5.8 Outils de pathologiste en boucle : Importance du pathologiste dans le flux de travail de la pathologie digitale.

Conclusion

Dans ce chapitre, nous avons abordé le problème de la qualité des données dans le processus de pathologie digitale. La qualité des données est divisée en deux sous-groupes : la qualité de l'image et la qualité du marquage. La qualité de l'image est bien étudiée dans la littérature ; en revanche, la qualité du marquage est moins abordée, surtout en pathologie digitale. Dans ce travail, nous visons à mettre en évidence l'impact du pathologiste expert dans l'aide au développement d'outils de décision, à travers la proposition d'un framework d'intégration dans notre proposition de PHM médicale. Dans le chapitre suivant, nous abordons une étude de cas de pronostic du cancer du sein à l'aide d'images de diapositives entières.

Chapitre 6

Une approche automatique basée sur l'apprentissage profond pour l'évaluation de l'indice Ki-67 pour le pronostic du cancer du sein

Résumé

Pour une estimation précise du taux de prolifération du cancer du sein, il faut choisir l'approche adaptée pour l'analyse et le comptage des noyaux dans les images d'histologie microscopique. Cela permet d'aider les pathologistes dans leur diagnostic et de sélectionner les traitements appropriés. Cependant, la détection et la classification des noyaux est une tâche très difficile vue le challenge de la qualité des données, et le chevauchement des noyaux. Dans ce chapitre, Un pipeline basé sur des réseaux de neurones convolutifs est proposé pour surmonter le problème de la variation de marquage et la mauvaise qualité des images histopathologiques. Une base de donnée réelle est montée et annotée par un pathologiste et un ingénieur bio-médical pour entraîner les modèles de l'IA et valider le pipeline proposé.

6.1 Introduction

Ce chapitre propose un pipeline automatique pour le score de l'indice de marquage Ki-67 pour le cancer du sein. Le pipeline commence par une méthode de segmentation des noyaux pour séparer les noyaux du fond. Un modèle de bassin versant basé sur des marqueurs

est ensuite développé pour séparer les noyaux superposés afin de classer tous les noyaux individuels par un modèle de réseau neuronal convolutif. L'étude présentée vise à valider les approches d'apprentissage approfondi dans un ensemble de données d'étude de cas réel. Elle met également en évidence l'impact des techniques de séparation des noyaux dans le processus de segmentation sur les résultats globaux de l'indice de marquage Ki-67. Enfin, une comparaison entre notre pipeline proposé et d'autres algorithmes est fournie pour montrer la performance de notre approche sur un ensemble de données provenant du département de pathologie de l'hôpital HNFC.

6.2 Contexte

Le cancer du sein est le cancer le plus fréquent et le plus meurtrier chez la femme dans le monde entier Stewart and Wild [259]. La détection précoce de cette maladie permet d'améliorer les résultats et d'augmenter le taux de survie Jemal et al. [260]. Un pathologiste analyse les données histopathologiques de la patiente afin de préciser les informations histologiques et immunohistochimiques telles que le sous-type de cancer, le grade, le statut TNM, le grade SBR et le statut des récepteurs hormonaux, le statut HER 2. Ces caractéristiques permettent aux oncologues de sélectionner la décision adaptée. L'indice de prolifération Ki-67 est un facteur utilisé pour guider la décision sur le traitement adjuvant à chaque patient et considéré comme un marqueur de pronostic. Le Ki-67 est un antigène nucléaire lié au cycle cellulaire qui mesure le taux de prolifération cellulaire, généralement évalué à l'aide de l'immunochimie. Cependant, plusieurs méthodes permettent d'estimer cet indice, qui diffère selon la façon dont les régions sont sélectionnées, le nombre de régions et le seuil de marquage de l'intensité nucléaire. Malgré les nombreuses données sur le Ki-67 comme marqueur pronostique du cancer du sein, l'inter-variabilité et l'intra-variabilité du comptage manuel limitent la précision de ce marquage et son application dans le traitement. En conséquence, l'indice de marquage (LI) du Ki-67 est calculé en faisant la moyenne du pourcentage de noyaux immunopositifs par rapport au nombre total de noyaux dans toutes les régions sélectionnées. Nous pouvons reconnaître différentes méthodes proposées dans la littérature, telles que le comptage des cellules immunopositives Ki-67 dans 10 champs de forte puissance, le comptage de 2000 cellules dans des régions d'intérêt (c'est-à-dire des points chauds Khan Niazi et al. [261]) avec le marquage nucléaire Ki-67 le plus fréquent Scholzen and Gerdes [262], ou le comptage par analyse d'image automatisée Lopez et al. [263]. La pathologie digitale (DP) est devenue de plus en plus courante au cours de la dernière décennie en raison de la disponibilité croissante de scanners numériques de lames entières Ghaznavi et al. [264], et elle pourrait être une bonne candidate pour résoudre les

problèmes connexes de variabilité et d'optimisation du temps pour le calcul de Ki-67 LI. Il simplifie le stockage et le partage des lames de tumeurs colorées et rend possible l'analyse automatique de très grandes cohortes.

Récemment, l'apprentissage approfondi a été largement appliqué dans le domaine médical Zemouri et al. [265] Zuluaga-Gomez et al. [266] Ma et al. [267], notamment dans l'analyse automatique des images histopathologiques Abubakar et al. [268]. De nombreuses études ont constaté que l'automatisation des processus d'analyse du Ki-67 LI permet d'obtenir des mesures plus reproductibles et plus précises Harvey et al. [269], Gudlaugsson et al. [270], et son application est mise en œuvre dans un cadre clinique. De nombreux travaux tels que la segmentation, la détection et la classification de différents types de cellules cancéreuses sont proposés pour soutenir et automatiser les systèmes de diagnostic du cancer dans la microscopie des cellules du cancer du sein. En ce qui concerne les images histopathologiques, la segmentation et la classification des cellules sont encore difficiles et nécessitent davantage de développement en raison des variations aléatoires de la morphologie, de la couleur et de l'intensité des cellules. Dans certains cas pratiques, ces cellules occupent une petite partie de l'image, ce qui entraîne un déséquilibre de classe entre le premier plan et l'arrière-plan. Par conséquent, la segmentation des régions superposées est un problème majeur dans le comptage des cellules. Pour être plus précis, le comptage de plusieurs cellules superposées comme une seule cellule peut affecter la précision du Ki-67 LI et améliorer la décision du pathologiste. De nombreux travaux ont déjà étudié ce type d'indicateur afin d'automatiser ce score. Néanmoins, il y a d'autres problèmes à résoudre pour obtenir des résultats plus précis, comme la superposition des cellules, la variation des couleurs, etc.

6.3 Etat de l'art

Récemment, l'émergence du DP et la disponibilité de nombreux scanners numérisés ont initié un flux de nouveaux développements méthodologiques dans le domaine du diagnostic assisté par ordinateur. Les sujets les plus populaires dans ce domaine sont le prétraitement des images, la détection des cellules, la classification des régions tissulaires ou la prédiction des types de tumeurs.

Dans le cadre de l'objectif du LI, la segmentation des noyaux est une première étape essentielle vers l'analyse automatique du LI Ki-67 Hashmi et al. [271]. Il s'agit d'une phase difficile de la pathologie digitale pour de nombreuses raisons : Premièrement, la morphologie des noyaux est un élément essentiel de la plupart des systèmes de classification des cancers. Deuxièmement, des techniques efficaces de segmentation des noyaux peuvent réduire efficacement l'effort humain requis pour l'analyse au niveau des cellules Deng

et al. [272]. Par conséquent, le coût de l'analyse cellulaire peut être considérablement optimisé. Cependant, la segmentation des noyaux présente de nombreuses difficultés, telles que l'identification des noyaux qui se chevauchent et la recherche d'un framework de délimitation précis Razzak et al. [273]. Une façon simple d'éviter le problème de la séparation des cellules chevauchantes est d'estimer le nombre de cellules dans chaque région détectée sans les diviser. Cependant, cela peut induire en erreur la classification du bloc de cellules, y compris les noyaux superposés de différents types. Une segmentation et une détection incorrectes des noyaux conduisent à une mauvaise estimation du Ki-67 LI. (Figure 6.1).

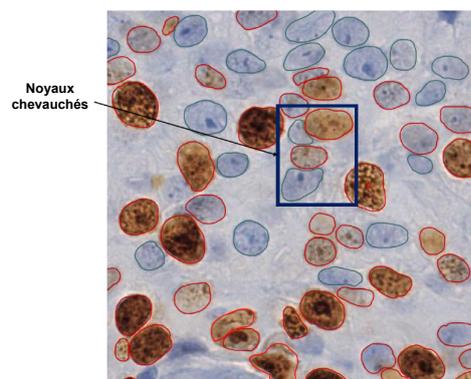


Fig. 6.1 Noyaux superposés de différents types. Les noyaux immunopositifs sont annotés en rouge et les noyaux immunonégatifs en vert.

Les techniques traditionnelles de détection des cellules de vision par ordinateur, telles que le traitement morphologique, le contour actif, la segmentation des bassins versants et le seuillage, ne sont pas adaptées à l'analyse des images médicales. Les techniques d'apprentissage machine qui peuvent être formées pour capturer la morphologie nucléaire et la variation de couleur donnent de meilleurs résultats sur la tâche de segmentation Komura and Ishikawa [274]. Par conséquent, les modèles standard d'apprentissage basés sur des caractéristiques artisanales, telles que le rapport des bleus, les histogrammes de couleur, la texture des couleurs, les caractéristiques géométriques et autres caractéristiques de l'image pour segmenter les noyaux pourraient fonctionner dans les cas généraux. Néanmoins, ces techniques échouent dans les cas critiques lorsqu'il s'agit de variations contextuelles globales et locales, de mauvaises colorations et de données déséquilibrées.

Récemment, l'apprentissage profond, en particulier CNN, a permis d'obtenir de meilleures performances dans le domaine médical. Un aperçu de l'apprentissage profond en cytométrie d'image est présenté dans [3]. Le comptage des cellules dans les images histopathologiques peut être considéré comme donnant la localisation de l'objet sans délimiter précisément les limites, généralement connu sous le nom de marqueur ou de centroïde cellulaire. Dans [15], les auteurs ont abordé la tâche de comptage des cellules comme

un problème de régression, où ils ont utilisé un réseau entièrement convolutif (FCN) pour régresser une carte de densité spatiale des cellules sur l'image. Le FCN est formé aux données synthétiques mais donne quand même de bons résultats sans s'adapter aux données réelles. Le comptage des cellules par régression peut être utile en cas de chevauchement des cellules, mais il ne donne pas d'informations pertinentes sur la morphologie des cellules, qui sont nécessaires à l'étape suivante de la classification des cellules dans l'estimation Ki-67 LI. Par conséquent, pour une meilleure estimation du Ki-67 LI, nous devons séparer avec précision les cellules du fond. Les premières tentatives de segmentation des cellules à l'aide de la fenêtre coulissante CNN souffrent du sacrifice d'informations contextuelles pour la précision de la localisation dans de petites parcelles. Pour surmonter ce problème, Long et al. [198] ont présenté un entraînement FCN de bout en bout, pixel par pixel, sur la segmentation sémantique. Cette architecture avec des couches convolutionnelles successives augmente la résolution de la sortie. Ronneberger et al. [224] ont proposé une nouvelle architecture de réseau appelée U-net qui peut fonctionner avec très peu d'images d'entraînement et permet une segmentation plus précise. Par la suite, de nombreuses architectures basées sur FCN sont proposées pour les tâches de segmentation comme SegNet Badrinarayanan et al. [275], LinkNet Chaurasia and Culurciello [276], Tiramisu Jégou et al. [277], DilatedNet Yu and Koltun [114], PSPNet Zhao et al. [278]. Cependant, même avec ces architectures de segmentation d'apprentissage avancées, la délimitation des cellules superposées reste un problème permanent Moen et al. [279]. Dans la plupart des cas, les masques prévus sont post-traités avec différentes techniques pour séparer les cellules. De simples filtres comme l'érosion et l'ouverture et la fermeture morphologique pourraient aider à éliminer les artefacts, mais ne peuvent pas séparer les cellules touchées dans la plupart des cas.

Après la segmentation précise des noyaux, la classification est la deuxième étape vers l'analyse automatique de Ki-67 LI. Les caractéristiques calculées à partir de noyaux segmentés sont généralement nécessaires pour la classification des noyaux qui fournissent des informations de plus haut niveau sur l'état de la maladie. Les classificateurs utilisent les caractéristiques des noyaux, qui indiquent les déviations des structures des noyaux, pour apprendre à classer les noyaux dans différentes classes. En histopathologie, ces caractéristiques peuvent être classées dans les quatre catégories suivantes : 1) cytologiques ; 2) intensité ; 3) morphologiques ; et 4) caractéristiques de texture Irshad et al. [280]. Dans Huang and Lai [281], les 14 caractéristiques d'intensité, morphologiques et de texture sont extraites pour former un classificateur graphique basé sur le SVM et comparées avec le voisin le plus proche K et le SVM simple. Dans Shi et al. [282], la stratégie de classification consiste principalement en un lissage, une décomposition, une extraction de caractéristiques et un regroupement de K-means. Irshad et al. [283] a utilisé les caractéristiques d'intensité et de morphologie avec

un arbre de décision et des classificateurs SVM pour la détection de la mitose dans les images histopathologiques du cancer du sein. La première tentative d'utilisation de l'apprentissage approfondi dans l'estimation du LI Ki-67 a eu lieu dans Saha et al. [284]. Les auteurs ont utilisé le modèle de Mixture Gamma avec Expectation-Maximisation pour la détection des points de graine et la sélection des patches. Pour la classification, un modèle d'apprentissage profond avec une couche de décision est utilisé pour la notation de la prolifération. Dans Narayanan et al. [285], le même modèle d'apprentissage profond est utilisé pour la détection et la classification des noyaux. Les couches VGG16 sont utilisées pour extraire les descripteurs d'hypercolonne de chaque cellule afin de former le vecteur d'activation. Par la suite, les graines issues de la segmentation cellulaire ont été propagées dans un réseau neuronal convolutif à contrainte spatiale pour la classification des cellules.

En général, les méthodes d'apprentissage approfondi donnent de meilleurs résultats dans la segmentation et la classification des noyaux. Cependant, l'utilisation d'un seul modèle pour la segmentation et la classification n'est pas adaptée à l'estimation de Ki-67 LI en raison du chevauchement des noyaux. En outre, la plupart des modèles d'apprentissage profond proposés dans l'estimation Ki-67 LI sont utilisés pour une tâche, la segmentation ou la classification, en combinaison avec d'autres techniques conventionnelles. Dans la suite, nous proposons une nouvelle approche utilisant les modèles CNNs pour la segmentation et la classification des noyaux, avec un bassin versant basé sur des marqueurs ensemencés pour résoudre le problème de la séparation des noyaux chevauchés.

6.4 Approche proposée pour l'estimation de l'index de prolifération de Ki-67 (PI)

Pour traiter plus efficacement la variabilité de la coloration et de la forme des noyaux, une série de processus automatisés sont illustrés dans la Fig.6.2. Tout d'abord, des techniques d'augmentation et de normalisation des données sont utilisées pour réduire les différences entre les images et augmenter le volume des données. Pour la tâche de segmentation, SER-Unet est utilisé pour séparer les régions de noyaux du fond. Les régions de noyaux segmentées sont classées par un classificateur à boosting de gradient en utilisant huit caractéristiques géométriques extraites pour être des régions de noyaux uniques ou des régions de noyaux superposés. Les régions de noyaux superposés ayant un effet significatif sur le IP, un modèle de bassin versant basé sur des marqueurs est utilisé pour séparer les noyaux superposés. Ensuite, tous les noyaux individuels sont identifiés par un modèle CNN comme étant positifs ou négatifs. Enfin, l'IP est calculé.

Tous les algorithmes sont développés en python avec la bibliothèque Keras et le backend TensorFlow et sont entraînés avec un GPU Tesla K80 disponible gratuitement sur Google Colab. Pour l'entraînement des modèles de segmentation et de classification, l'ensemble de données associé a été divisé selon les patients en train, validation et test. Une validation croisée à cinq plis a été utilisée, et l'évaluation des résultats a été calculée à partir de l'ensemble de données de test (Figure.6.2).

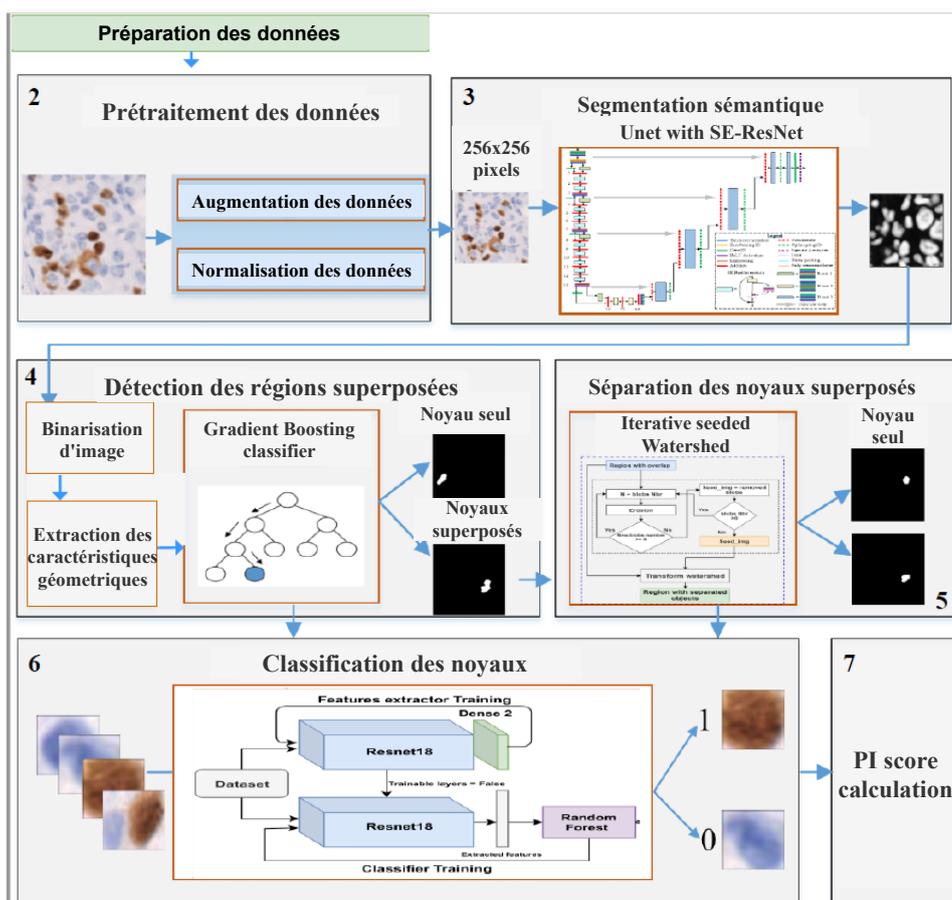


Fig. 6.2 Organigramme des méthodes de comptage de cellules proposées, du prétraitement des données à l'estimation de l'indice de marquage ki-67.

6.4.1 Préparation des données

L'ensemble d'apprentissage contenait X tissus tumoraux fixés au formol et inclus en paraffine provenant d'un carcinome mammaire invasif de l'hôpital HNFC. Des sections de 4 µm ont été coupées et utilisées pour l'immunochimie. Ces lames d'excision ont ensuite été traitées pour l'immunochimie avec l'automate Ventana de référence. L'anticorps monoclonal KI67 (Dako

clone Mib one) a été appliqué à une dilution de 1/50 pendant 20 minutes. Cinquante lames ont été capturées à un grossissement de 40x sur un scanner Hamamatsu. Trois sous-images de 256x256 pixels ont été recadrées à partir de trois régions d'intérêt - point chaud, bords et milieu - sélectionnées pour chaque patient afin de garantir la variation des données. Après avoir obtenu 150 de tous les cas, un expert en pathologie, un étudiant résident et un ingénieur biomédical ont annoté plus de 5000 noyaux. Le logiciel open-source Qupath est utilisé pour l'annotation à l'aide de l'outil Brush sur un écran de 25 pouces : Bankhead et al. [3]. Il est demandé aux annotateurs de délimiter les limites de tous les noyaux et d'associer chaque noyau à sa classe positive ou négative. L'annotation finale de l'étudiant résident et de l'ingénieur biomédical est révisée par l'expert pathologiste afin de réduire les erreurs de faux positifs, de faux négatifs, de sous-segments et de sur-segments. Deux jeux de données sont générés à l'aide de l'outil Qupath à partir des données annotées :

- 150 masques binaires sont extraits des ensembles de données annotés pour entraîner le modèle de segmentation de manière supervisée.
- Pour la classification, en utilisant la bibliothèque Opencv Howse [286], nous extrayons des taches de noyaux immunopositifs et immunonégatifs de taille 32x32, qui peuvent inclure l'ensemble des noyaux à un grossissement de 40.

Pour la formation et la validation des modèles, l'ensemble de données est divisé en 30, 10 et 10 patients, avec trois images pour chaque patient, pour les ensembles de formation, de validation et de test, respectivement.

6.4.2 Prétraitement des données

L'utilisation différente de scanners, d'équipements et de colorations et réactivités différentes génère une variation de couleur dans les images histopathologiques (Fig.6.3). La variation de couleur peut affecter de manière défavorable le processus de formation et d'inférence dans les modèles d'apprentissage automatique. Par conséquent, il est nécessaire d'améliorer la qualité de l'image avant l'extraction automatique de caractéristiques. Les données sont normalisées pour éliminer les différences de couleur des images d'histologie. Les techniques de normalisation des couleurs donnent une forme plus générale de correction des couleurs qui emprunte les caractéristiques de couleur d'une image à une autre. Ce travail adopte la méthode de traitement d'image appelée normalisation des couleurs préservant la structure (Vahadane et al., 2016). Cette méthode utilise une analyse statistique simple et peut réaliser la correction des couleurs en choisissant une image source appropriée et en appliquant ses caractéristiques à une autre image.

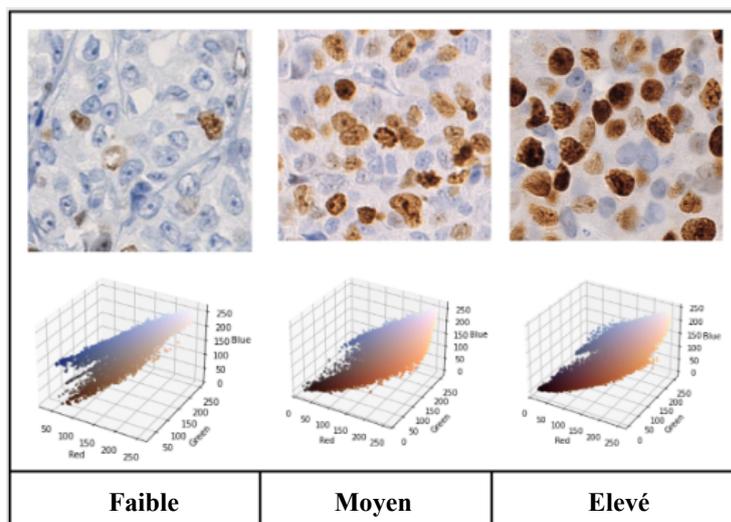


Fig. 6.3 Variation de la coloration dans les images H-DAB.

Par ailleurs, et puisque nous disposons de données limitées, l'augmentation des données est réalisée pour entraîner les modèles d'apprentissage discriminatif de l'information. L'augmentation des données est effectuée sur chaque image en utilisant la bibliothèque Albumentations A. Buslaev and Kalinin [287] pour réaliser la transformation de manière pipeline, où chaque opération a une probabilité qui définit la vraisemblance d'être appliquée. Deux types d'augmentation des données sont adoptés : (i)- pour la tâche de classification : des augmentations simples telles que la rotation aléatoire, le retournement, la transposition et le décalage sont utilisées. (ii)- pour la tâche de segmentation : des augmentations fortes sont effectuées avec un bruit gaussien, un flou, une distorsion optique, une distorsion de grille et une transformation élastique. Il convient de mentionner que l'augmentation des données est effectuée avant la normalisation des données dans notre pipeline. Enfin, l'intensité des pixels de l'image est normalisée par rapport à la distribution normale standard de l'intervalle [0,1] afin d'obtenir la même plage de valeurs pour chaque image d'entrée, ce qui accélère la convergence du modèle.

6.4.3 Segmentation sémantique

SER-Unet est ici utilisé pour segmenter les noyaux dans les images d'histopathologie. U-net est l'amélioration et l'extension des FCNs Long et al. [198] avec une architecture plus élégante. Il fonctionne avec très peu d'images d'entraînement et permet d'obtenir des segments plus précis Ronneberger et al. [224]. L'architecture générale de U-net consiste en deux chemins, un chemin de contraction (côté gauche) et un chemin d'expansion (côté droit). Le chemin de contraction suit la structure typique des réseaux neuronaux convolutifs,

en effectuant de manière répétée deux opérations de convolutions 3x3 (convolutions non paddées), accompagnées d'une unité linéaire rectifiée (ReLU) et d'une opération de pooling max 2*2 avec un stride de 2 appelée downsampling, dans laquelle le nombre de canaux de caractéristiques est doublé dans le temps. Habituellement, le chemin de contraction est remplacé par un réseau pré-entraîné comme VGG/Resnet. Dans ce travail, notre architecture U-net est composée de l'épine dorsale ResNet de Squeeze Excitation, suivie d'un chemin expansif (voir Figure 6.4).

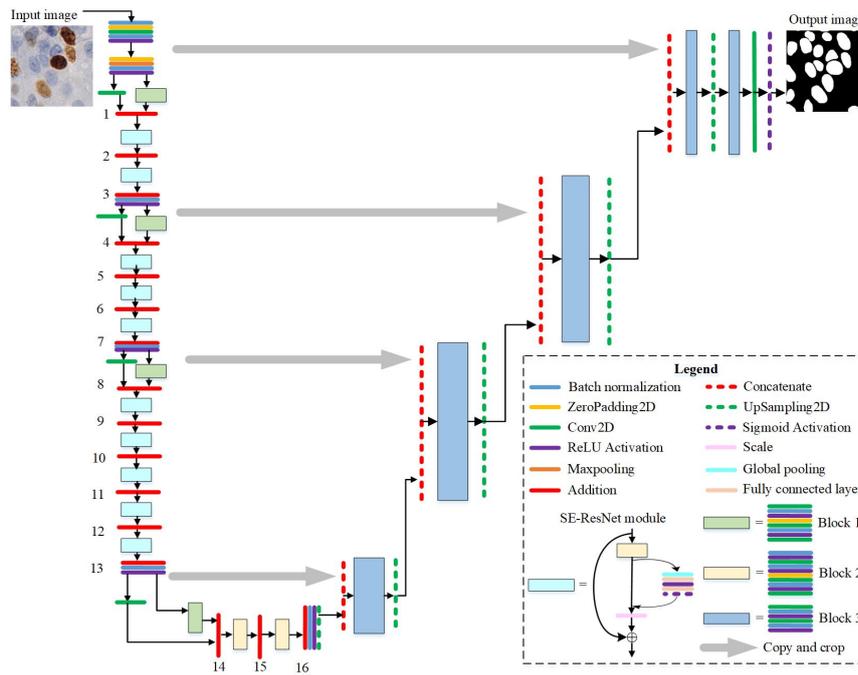


Fig. 6.4 Segmentation sémantique à l'aide de U-net avec squeeze et excitation ResNet backbone.

Le réseau ResNet Squeeze et Excitation utilise le concept de représentation résiduelle, couramment utilisé en vision par ordinateur, pour la construction d'un bloc de base d'apprentissage résiduel dans un modèle CNN. Il utilise certaines couches de référence pour apprendre la représentation résiduelle entre l'entrée et la sortie, plutôt que d'utiliser une couche de référence pour apprendre directement la correspondance entre les entrées et les sorties comme dans un réseau CNN typique. Les expériences ont montré que l'utilisation d'une couche de référence pour apprendre directement les résidus est beaucoup plus facile et plus efficace que l'apprentissage de la correspondance entre les entrées et les sorties, avec une vitesse de convergence plus rapide et une précision plus élevée.

6.4.4 Détection des régions superposées

La carte de probabilité obtenue par SER-Unet nécessite un post-traitement pour séparer les noyaux superposés. Ainsi, un seuil adaptatif est appliqué pour binariser l'image de la carte de probabilité. La méthode adaptative est un algorithme itératif qui mesure un seuil local déterminé par les intensités moyennes en niveaux de gris d'un voisinage. Cette méthode a été préférée à d'autres méthodes populaires telles que la méthode d'Otsu car elle est locale et peut s'adapter à différentes proportions de luminance. Ensuite, les petits trous dans l'image binaire sont remplis, et une ouverture binaire est effectuée pour construire la forme des noyaux. Enfin, tous les petits objets sont supprimés (Figure 6.5).

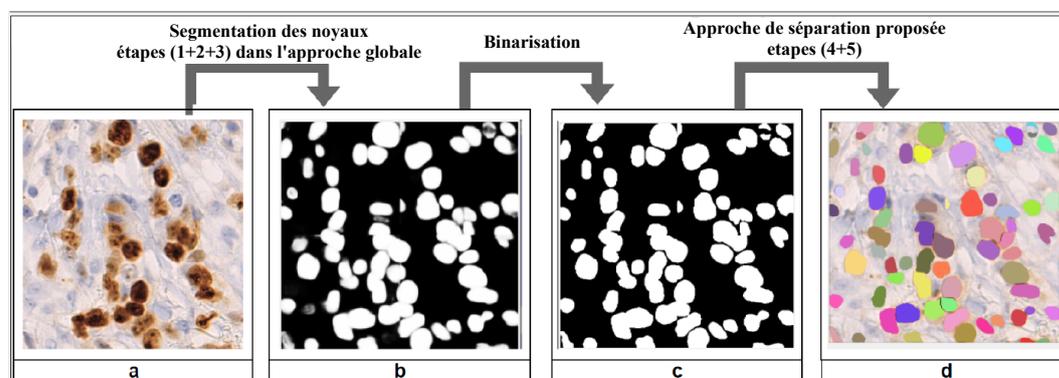


Fig. 6.5 Approche proposée pour la segmentation des noyaux superposés. a- image originale, b- carte de probabilité, c- masque binaire, d- image originale avec masque généré après séparation des noyaux superposés.

Dans notre tâche, la carte de probabilité générée par l'algorithme proposé dépend de la densité de l'acide désoxyribonucléique ADN dans le noyau. Si l'ADN est condensé dans une partie du noyau, le masque du noyau prend une forme concave. Ainsi, une séparation plus spécifique basée sur des points concaves et des marqueurs basés sur la valeur h Koyuncu et al. [288] peut conduire à une sur-segmentation. Dans ce cas, nous proposons d'appliquer les techniques de séparation uniquement sur les régions chevauchées afin de diminuer le temps de calcul et d'obtenir une bonne précision dans notre approche (voir Algorithme 1). Afin de distinguer les noyaux superposés des noyaux individuels, les caractéristiques telles que la taille et la forme ne sont pas suffisantes. Par conséquent, nous utilisons des caractéristiques texturales et géométriques pour former un classificateur binaire. Le modèle SER-Unet est utilisé pour prédire les masques à partir de notre jeu de données d'entraînement. Pour chaque masque, nous extrayons et classons manuellement l'objet en patches superposés et en patches individuels. Les caractéristiques sont extraites de chaque patch pour construire le jeu de données nécessaire à l'entraînement d'un modèle de classification (Figure 6.6).

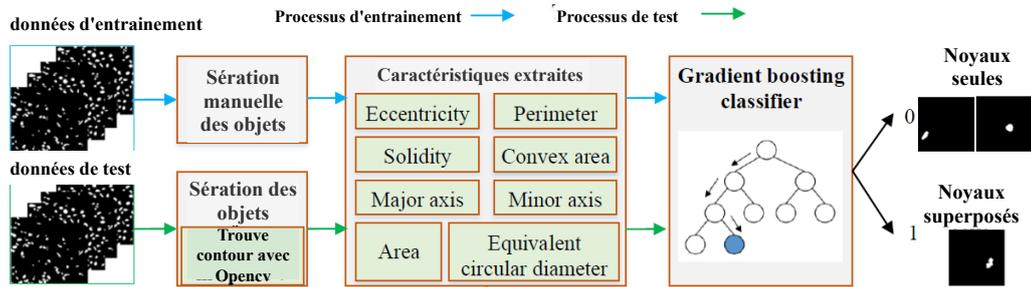


Fig. 6.6 Procédure de détection des régions de noyaux superposés à l'aide du classificateur GB.

Le boosting de gradient (GB) Friedman [289] est une technique d'apprentissage automatique pour les problèmes de classification, qui produit un classificateur robuste sous la forme d'un ensemble de classificateurs faibles, généralement des arbres de décision. GB construit le modèle par étapes et est une généralisation aux fonctions d'erreur différentiables arbitraires. La performance du classificateur GB dans la tâche de classification de régions superposées a atteint 92,69 %, surpassant d'autres algorithmes tels que les machines à vecteurs de support et la RF.

Algorithm 1: Approche de séparation proposée

```

Input: Processed mask
Output: Mask with separated overlapped objects
Objects ← get objects from processed mask;
for objet dans les objets do
    if contours(objet) > 10 then
        caractéristiques ← obtenir des caractéristiques (objet) ;
        probabilité ← gradient_boost.predict(caractéristiques) ;
        if probabilité < 0.5 then
            seul ← draw(seul, objet);
        else
            diviser ← Marker_based_watershed(objet);
            divisés ← draw(divisés, split);
        end
    end
end
all_divisés ← fusionner(seul, divisés);
retourner all_divisés ;
    
```

6.4.5 Séparation des noyaux superposés

Une fois les régions superposées séparées, un algorithme de transformation en bassin versant est utilisé pour la division des noyaux. L'algorithme de transformation de la ligne de partage des eaux est simple, fiable et peut atteindre des résultats acceptables en divisant les régions superposées en fonction de la topologie de l'image. Cependant, la transformation de la ligne de partage des eaux est très sensible aux minima locaux (Fig.6.7), ce qui entraîne une sur-segmentation de l'image bruyante, en particulier pour les données médicales Nagesh et al. [290]. Dans ce travail, nous proposons une érosion itérative simple avec un noyau elliptique pour la sélection des marqueurs. Le problème de l'objet disparaissant dans l'érosion itérative est résolu en calculant le nombre de blobs après chaque étape d'érosion ; si le nombre de blobs est égal ou supérieur au précédent, nous effectuons une autre étape d'érosion ; sinon, nous récupérons les blobs disparaissant de l'image érodée précédente en copiant le minimum de blobs basé sur la zone de l'image de départ. Le processus est répété jusqu'à ce qu'il n'y ait plus aucune tache dans l'image érodée. Enfin, nous dilatons l'image de départ finale et appliquons la transformation de la ligne de partage des eaux en fonction de ces marqueurs (Algorithme 1). Habituellement, l'érosion successive des marqueurs de ligne de partage des eaux nécessite un critère d'arrêt. Cependant, dans notre cas, le critère d'arrêt n'est pas nécessaire en raison du petit nombre de noyaux (entre 2 et 5) dans chaque région superposée. La figure 6.5 présente les différentes étapes de notre méthode proposée sur la région superposée Kowal et al. [291].

6.4.6 Classification des noyaux

La classification d'images basée sur le contenu visuel, en particulier les images histopathologiques, est un défi en raison de la complexité des textures et de la diversité structurelle et morphologique. Dans les images colorées à l'H-DAB, la classification des cellules immunopositives et immunonégatives est exposée à une inter- et intra-variabilité (Figure.6.9). Par conséquent, l'automatisation de ce processus pourrait réduire l'effort et aider l'expert à être plus précis. Récemment, les approches basées sur les CNN ont connu un succès dans les problèmes de classification d'images, y compris l'analyse d'images médicales Bayramoglu et al. [292]. Les CNN explorent la possibilité d'apprendre des caractéristiques directement à partir des données d'entrée, en évitant les caractéristiques fabriquées à la main Bengio et al. [293].

Différentes architectures CNN sont appliquées empiriquement afin d'observer la variation des caractéristiques du modèle (profondeur du réseau, propriétés des couches, paramètres d'apprentissage, etc.) pour la classification des noyaux dans notre jeu de données. En général,

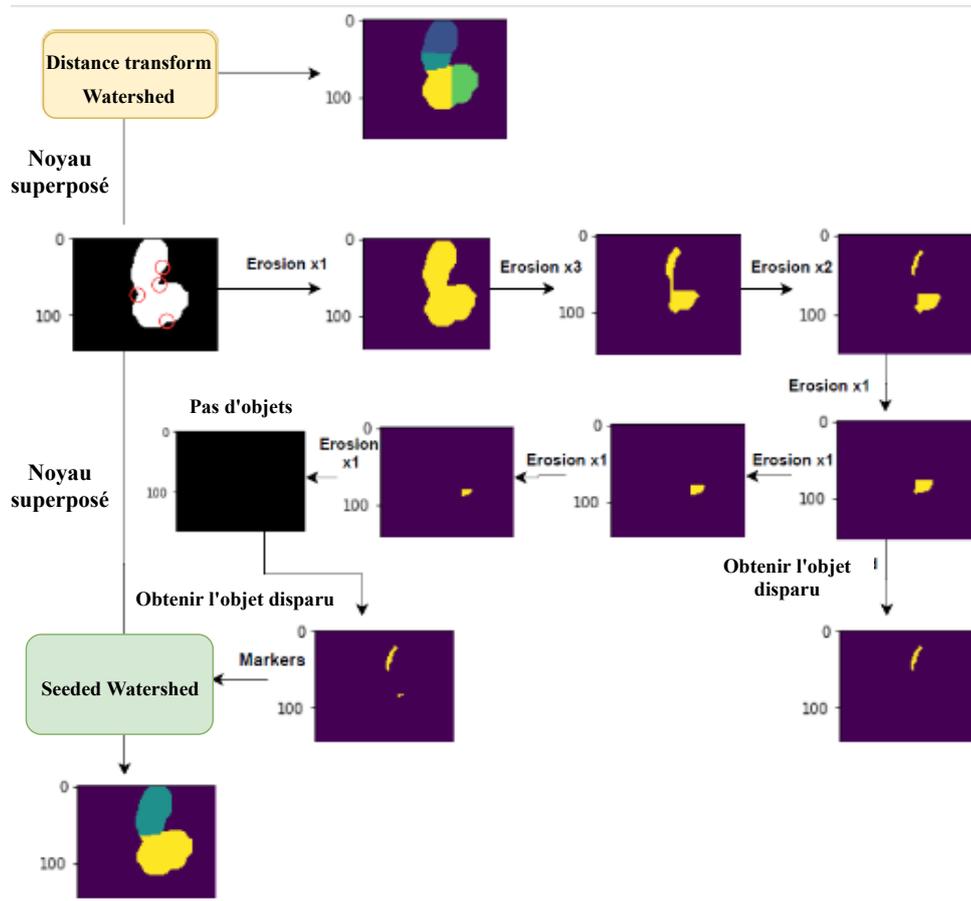


Fig. 6.7 Séparation des noyaux superposés sur la base d'une ligne de partage des eaux fondée sur des marqueurs

nous avons vu que les structures avec des réseaux résiduels ont de meilleures performances que les autres. Les réseaux résiduels évitent le problème des gradients évanescents dans les réseaux profonds, ce qui aide à former ces modèles sur de petits ensembles de données comme dans notre cas. Nous avons également observé que les petits réseaux sont plus performants dans notre jeu de données, et que Resnet18 donne de meilleurs résultats que Resnet50 ou d'autres modèles bien connus. Cependant, l'évaluation du modèle Resnet18 avec la validation croisée Kfold montre une variance élevée. Par conséquent, cette étude propose un classificateur hybride en tirant profit des caractéristiques extraites de Resnet18 et en évitant le problème de surajustement.

Les caractéristiques profondes sont extraites à l'aide du classificateur Resnet18 en supprimant la dernière couche dense. Ensuite, un classificateur de forêt aléatoire (RF) est utilisé pour la classification des noyaux. La RF est un algorithme de classification développé par Leo Breiman qui utilise un ensemble d'arbres de classification Breiman [294]. RF utilise à la

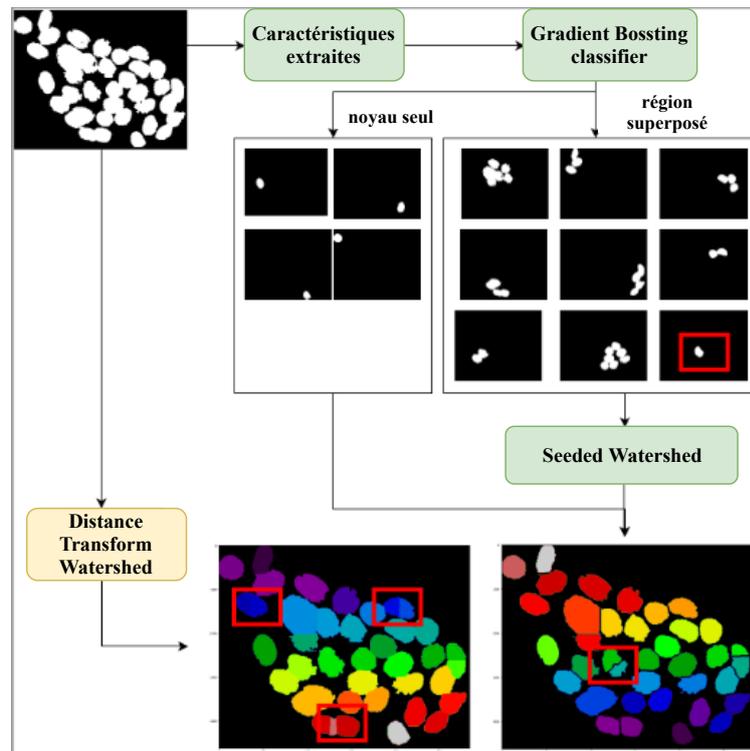


Fig. 6.8 L'approche proposée pour la séparation des noyaux superposés.

fois le bagging (agrégation bootstrap), une approche efficace pour combiner des apprenants instables, et la sélection de variables aléatoires pour la construction des arbres. Par conséquent, l'algorithme produit un ensemble qui peut atteindre à la fois un faible biais et une faible variance (Figure.6.10).

Les travaux antérieurs utilisaient des CNN avec des poids pré-entraînés pour l'extraction de caractéristiques, et le classificateur est ensuite entraîné sur ces caractéristiques Gupta and Chawla [295]. Dans notre approche, l'entraînement se fait en deux temps. D'abord, le Resnet18 est entraîné avec deux classes sur la couche supérieure dense. Ensuite, la dernière couche est supprimée, et le reste des couches est réglé sur "Faux". Enfin, l'algorithme RF est formé à l'aide des caractéristiques profondes de Resnet18 (voir la figure 6.10).

6.4.7 Notation de l'indice de prolifération

La prolifération cellulaire est un processus biologique fondamental, et elle est accélérée dans les tumeurs. Les médecins utilisent l'indice de prolifération IP pour évaluer la progression de la tumeur et déterminer la thérapie future d'un patient Hanahan and Weinberg [296]. Dans ce travail, le score IP est estimé en calculant le pourcentage moyen de cellules tumorales

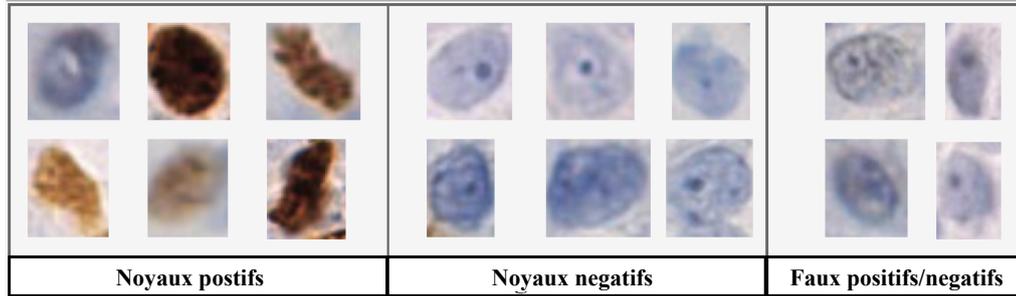


Fig. 6.9 Variations des noyaux génèrent un niveau élevé de faux positifs et de faux négatifs.

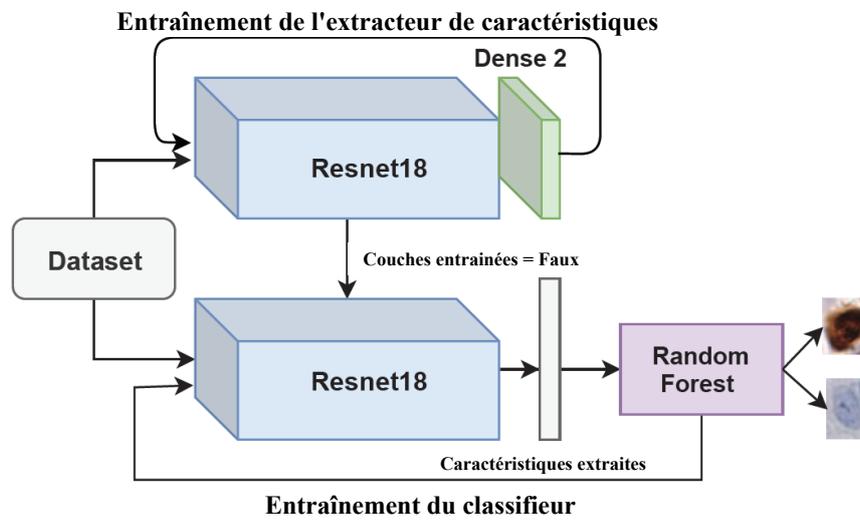


Fig. 6.10 Approche proposée pour la classification des noyaux.

positives en fonction de trois régions : Hotspot, medium, et edge, sélectionnées manuellement par un pathologiste expert. La valeur de l'IP est calculée à l'aide de l'équation suivante :

$$IP = \frac{1}{r} \sum_{i=1}^r \frac{N_i}{T_i} \times 100 \quad (6.1)$$

où r est le nombre de régions d'intérêt sélectionnées, N_i est le nombre de noyaux immunopositifs dans la région i et T_i est le nombre total de noyaux dans la région i .

6.4.8 Analyse statistique

Pour valider la méthodologie proposée, trois tests de validation sont effectués :

Métriques de segmentation

Un bon critère d'évaluation des techniques de segmentation des noyaux doit pénaliser à la fois les erreurs au niveau de l'objet et au niveau du pixel : Komura and Ishikawa [274]. La segmentation des noyaux peut passer par trois étapes principales : 1) séparer le noyau du fond, 2) détecter les noyaux individuels, et 3) segmenter chaque instance détectée. Cependant, l'évaluation des résultats sémantiques reste un problème permanent. En général, nous pouvons reconnaître, et utiliser pour comparaison, deux catégories de métriques d'évaluation :

Métriques au niveau du pixel:

Les mêmes métriques que dans Long et al. [198] sont utilisées, à savoir la précision (Acc), l'intersection moyenne sur l'union (MIU) et l'intersection pondérée en fréquence sur l'union (FIU) :

$$Acc = \frac{\sum_i n_{ii}}{\sum_i t_i} \quad (6.2)$$

$$MIU = \frac{1}{n_c l} \sum_i \frac{n_{ii}}{t_i + \sum_j n_{ji} n_{ii}} \quad (6.3)$$

$$FIU = \left(\sum_k t_k \right)^{-1} \sum_i \frac{t_i n_{ii}}{t_i + \sum_j n_{ji} n_{ii}} \quad (6.4)$$

où n_{cl} : nombre de classes incluses dans la segmentation du groundtruth, n_{ij} : nombre de pixels de la classe i prédits comme appartenant à la classe j et t_i : nombre total de pixels de la classe i dans la segmentation du groundtruth.

Métriques au niveau des objets:

Pour la segmentation des noyaux, un vrai positif TP est considéré comme tel lorsqu'un chevauchement des noyaux prédits et de la vérité terrain est égal ou supérieur à 0,5. La plupart des études ont utilisé le dé d'ensemble (Dice 2) Vu et al. [297], et l'indice Jaccard agrégé AJI (Komura and Ishikawa [274]) pour la segmentation au niveau des objets. Récemment, une nouvelle métrique appelée qualité panoptique PQ est introduite dans (Kirillov et al. [298]) pour évaluer les résultats de la segmentation. En outre, la crédibilité des métriques Dice2 et AJI est discutée, notamment dans le processus de détection des cellules. Dans (Graham et al. [299]), l'auteur a montré deux cas similaires avec une légère différence qui peut donner des

scores très différents de Dice2 et AJI. Pour le même cas, la qualité panoptique donne une petite déviation. Ainsi, dans cette étude, les résultats sont évalués avec Dice2, AJI, et PQ.

Le PQ est calculé pour chaque classe indépendamment et la moyenne sur les classes. Cela rend le PQ insensible au déséquilibre des classes. Pour chaque classe, avec un ensemble d'appariement partagé composé de vrais positifs (TP), de faux positifs (FP) et de faux négatifs (FN), le PQ est défini comme suit :

$$PQ = \frac{\sum_{(p,g) \in TP} IoU(p,g)}{TP + \frac{1}{2}FP + \frac{1}{2}FN} \cdot d \quad (6.5)$$

En outre, si PQ est multiplié et divisé par la taille de l'ensemble TP, alors PQ peut être considéré comme la multiplication d'un terme de qualité de segmentation (SQ) et d'un terme de qualité de détection (DQ) :

$$PQ = \frac{\sum_{(p,g) \in TP} IoU(p,g)}{TP} \times \frac{TP}{TP + \frac{1}{2}FP + \frac{1}{2}FN} \quad (6.6)$$

De cette manière, le premier terme de la multiplication est la qualité de la segmentation (SQ), qui est simplement l'intersection moyenne sur l'Union IoU des segments appariés ; le second est la qualité de la détection (DQ) ou simplement le score F1 bien connu (Van Rijsbergen [300]) largement utilisé pour l'estimation de la qualité dans les paramètres de détection (Martin et al. [301]).

Métriques de classification

Compte tenu du nombre de vrais positifs (TP), de faux positifs (FP), de vrais négatifs (TN) et de faux négatifs (FN), les performances du modèle de classification proposé sont évaluées en fonction de l'exactitude, de la sensibilité, de la spécificité et du F1 score, exprimés mathématiquement comme suit :

- Exactitude = $\frac{TP+TN}{TP+TN+FP+FN} \times 100$,
- Sensitivité = $\frac{TP}{TP+FN} \times 100$,
- Spécificité = $\frac{TN}{TN+FP} \times 100$,
- F1-score = $\frac{2TP}{2TP+FP+FN} \times 100$

Métriques PI

Les graphiques de Bland-Altman, les coefficients de Pearson, Spearman et R2 sont utilisés pour évaluer l'estimation automatique de l'IP Gered et al. [302].

6.5 Résultats expérimentaux

6.5.1 Résultats de la segmentation

Pour la segmentation, l'algorithme SER-Unet est développé avec l'apprentissage par transfert en utilisant les poids pré-entraînés d'Imagenet. Nous avons défini la taille de l'image d'entrée à 256×256 pixels. Le processus d'entraînement a été effectué avec 500 époques au total, sous les lots d'entraînement mini-augmentés avec 250 étapes d'entraînement et 50 étapes de validation par époque. Nous avons utilisé l'erreur binaire cross-entropy dice et l'optimiseur Adam avec la décroissance du taux d'apprentissage. Pour éviter l'overfitting, des stratégies d'arrêt précoce avec 20 époques et de sauvegarde des meilleurs modèles ont été utilisées. Enfin, le modèle est sauvegardé et utilisé pour l'évaluation du test.

Les premiers résultats confirment que les FCNs sont un bon choix pour la segmentation d'images médicales. Leur principal avantage est la segmentation basée sur différentes caractéristiques telles que la forme, la tache et d'autres caractéristiques profondes extraites par convolutions successives. La figure 6.11 montre la différence entre l'approche proposée et les techniques conventionnelles de segmentation Gered et al. [302], qui sont très sensibles à l'espace couleur. Les noyaux d'inflammation de couleur bleue sont considérés comme des noyaux négatifs en raison de leur similitude de couleur. Cependant, l'approche que nous proposons, qui combine les réseaux d'excitation résiduelle de Squeeze avec l'algorithme Unet, est robuste et peut discriminer correctement les noyaux négatifs et positifs sur la base des couleurs et de la forme associée apprise à partir de données annotées.

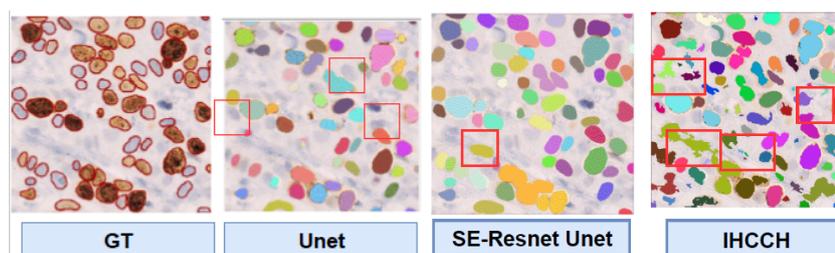


Fig. 6.11 Résultats de la segmentation sémantique : bonne détection des réseaux entièrement convolutifs, en particulier avec l'approche proposée combinant le réseau résiduel d'excitation de Squeeze avec l'algorithme Unet. Les méthodes conventionnelles souffrent de sursegmentation en raison de la mauvaise qualité de la coloration, et de la présence de cellules d'inflammation de même couleur que les noyaux négatifs.

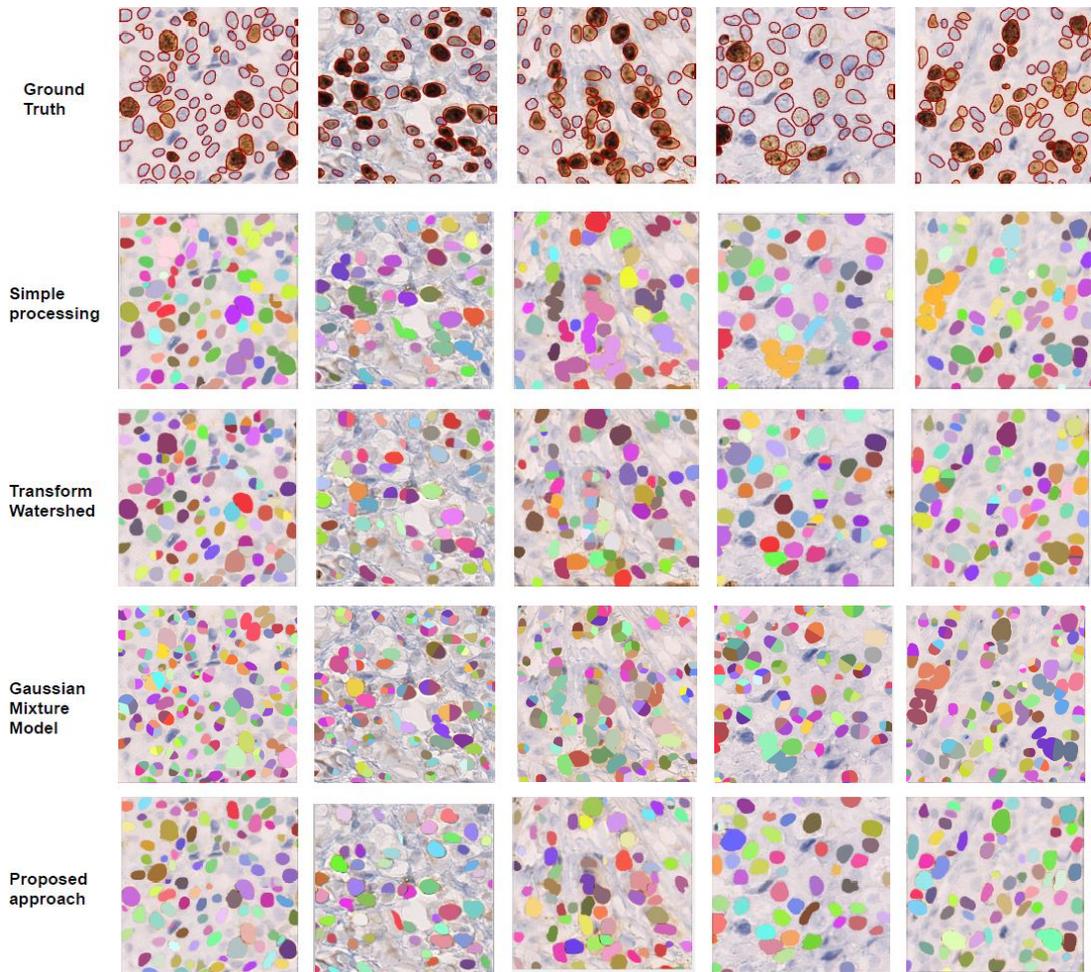


Fig. 6.12 Comparaison de l'approche proposée de séparation des noyaux superposés avec différentes techniques : Un traitement simple avec des filtres simples donne une sous-segmentation. D'autre part, la Transform Watershed et le GMM séparent les noyaux de manière incorrecte, y compris les noyaux uniques. L'approche proposée à la dernière ligne donne de meilleurs résultats.

Le tableau 6.1 présente la première évaluation des résultats de la segmentation par rapport aux réseaux neuronaux profonds récents, principalement LinkNet Chaurasia and Culurciello [276] et PSPNet Zhao et al. [278]. L'approche proposée donne de meilleurs résultats, notamment pour les métriques au niveau des objets, avec un QP égal à 55,42

6.5.2 Résultats de la séparation des noyaux superposés

La plupart des noyaux qui se chevauchent ne sont pas séparés dans la carte de probabilité générée par notre approche proposée, et un post-traitement supplémentaire est nécessaire. Par conséquent, nous appliquons et comparons le modèle de mélange gaussien (GMM), la

transformation de la distance en bassin versant (DTW) et l'algorithme de bassin versant basé sur les marqueurs que nous proposons pour séparer les noyaux superposés. Les résultats après séparation sont présentés dans le tableau 6.2.

Tab 6.1 résultats de la segmentation sémantique

| | DICE2 | AJI | PQ | Acc | MIU | FIU |
|----------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|
| Unet | 68.72 | 55.14 | 51.31 | 90.52 | 81.43 | 81.21 |
| LinkNet | 67.95 | 51.69 | 45.67 | 90.88 | 79.07 | 83.45 |
| PSPNEt | 68.08 | 54.16 | 48.73 | 91.22 | 79.18 | 83.71 |
| SER-Unet | 71.86 | 59.21 | 55.42 | 92.46 | 84.15 | 85.13 |

D'après le tableau, le lecteur peut constater que le GMM obtient les pires résultats en raison d'une sur-segmentation. De même, DTW a donné une performance relativement plus faible que l'approche proposée. Cela est principalement dû aux difficultés rencontrées par la morphologie aléatoire des noyaux, qui rend difficile la recherche de la bonne division. Néanmoins, l'algorithme que nous proposons donne les meilleurs résultats, notamment en termes de PQ. La figure 6.12 montre la comparaison visuelle entre notre algorithme, GMM, et DTW en termes de résultats de segmentation. De plus, le post-traitement de SER-Unet avec l'approche proposée augmente significativement les performances du modèle, en particulier pour Dice2 et AJI, qui sont trop sensibles à la petite variation. Le tableau 6.2 montre les résultats quantitatifs de la séparation des noyaux superposés basés sur la précision, le rappel et le F1 score.

Tab 6.2 Résultats de la segmentation avec SER-Unet après séparation des différentes techniques.

| | DICE2 | AJI | PQ | Precision | Recall | F1 score |
|----------|-------|-------|-------|-----------|--------|----------|
| GMM | 38.44 | 32.09 | 10.21 | 35.64 | 30.66 | 32.97 |
| DTW | 78.46 | 61.54 | 57.39 | 78.29 | 63.96 | 70.40 |
| Proposée | 79.60 | 73.01 | 69.80 | 87.45 | 84.15 | 85.77 |

6.5.3 Résultats de la classification

Comme pour l'évaluation des segmentations, les dix mêmes patients sont utilisés comme ensemble de test pour la classification. À partir des trois images de chaque patient, les noyaux sont découpés en fonction de l'annotation des experts. Les modèles sont entraînés successivement en mode de validation croisée sur l'ensemble d'entraînement, et l'évaluation est ensuite effectuée sur l'ensemble de test. Le tableau 6.3 montre les performances de

l'approche proposée avec des classificateurs d'apprentissage profond récents. L'approche hybride proposée d'extraction de caractéristiques profondes et de classificateur RF donne les meilleurs résultats avec un F1 score de 97,52 %. De plus, la figure 6.13 montre la courbe ROC des classificateurs, qui montre que l'approche proposée donne également la meilleure AUC avec 0,974, contre Resnet18 avec 0,935 et MobileNet avec 0,889.

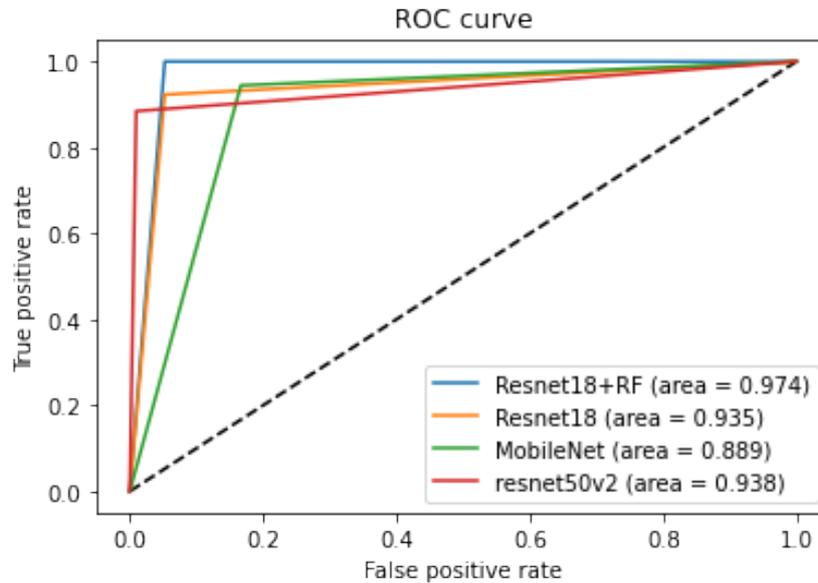


Fig. 6.13 Courbe ROC et AUC de l'approche proposée en comparaison avec différents classificateurs.

Tab 6.3 Résultats de la classification

| | F-score | Exactitude | Sensitivité | Spécificité |
|-----------------|--------------|--------------|--------------|-------------|
| MobileNet | 89.13 | 89.19 | 83.33 | 94.44 |
| InceptionResnet | 92.56 | 92.57 | 97.14 | 88.46 |
| Resnet50 | 93.46 | 93.47 | 99.05 | 88.46 |
| Resnet18 | 93.47 | 93.47 | 94.76 | 92.31 |
| Resnet18+RF | 97.51 | 97.52 | 94.76 | 100 |

6.5.4 Résultats de l'IP (Ki-67 index)

La figure 6.14 illustre les diagrammes de dispersion de l'accord IP entre les approches manuelle et automatisée sur les images de l'ensemble de test. Les corrélations R2, Spearman et Pearson ont été calculées pour chaque approche. Pour montrer l'importance du

post-traitement sur l'estimation de l'IP, les méthodes de post-traitement otsu et DTW sont comparées à l'approche proposée, dans laquelle la méthode GMM est exclue en raison de ses mauvaises performances. En outre, la méthode proposée basée sur les histogrammes (IHCCH) dans Gered et al. [302] est utilisée pour une analyse plus approfondie. L'IHCHC est une méthode non supervisée de séparation des couleurs basée sur l'histogramme des couleurs IHC pour l'analyse robuste de l'IP.

La figure 6.14 montre que l'approche d'apprentissage profond proposée donne de meilleurs résultats que l'approche basée sur la couleur, même avec un post-traitement simple comme la méthode Otsu. Les méthodes basées sur la couleur sont affectées par de nombreux éléments de traitement de bas niveau, notamment les seuils d'intensité des taches et la précision de la segmentation des noyaux. Par conséquent, la plupart des IP prédits par la méthode HCCI sont inférieurs à l'IP de la vérité de terrain, ce qui peut s'expliquer par la sur-segmentation des noyaux négatifs. D'autre part, Qupath applique des techniques de séparation sur les noyaux segmentés en utilisant des méthodes conventionnelles et atteint 0,75 de R2 et 0,87 de coefficient de Pearson, ce qui est inférieur à la combinaison des techniques de séparation avec des solutions d'apprentissage profond. L'approche proposée a obtenu le coefficient de corrélation de Spearman le plus élevé avec 0,93 ; et R2 = 0,89. Elle indique donc une forte relation entre l'IP prédit et l'IP compté manuellement.

Les diagrammes de Bland-Altman correspondants ont été calculés sur la base de la différence d'IP entre les approches automatisée et manuelle et sont présentés à la figure 6.14. Le seuil optimal est celui qui présente la différence d'IP moyenne la plus faible le long des limites étroites des accords. Bien que la frontière présente des différences d'IP relativement faibles, l'approche proposée donne les meilleurs résultats.

Pour une évaluation qualitative, les résultats de l'image originale, de la méthode IHCCH et de notre méthode proposée sont présentés dans la figure 6.15. Les résultats immunopositifs et immunonégatifs sont représentés en rouge et en vert, respectivement. Les résultats suggèrent que les segmentations de notre approche sont visuellement similaires et produisent des frontières naturelles. De plus, l'approche proposée est robuste aux régions d'inflammation, même avec la même couleur que les noyaux immuno-négatifs. D'autre part, la méthode IHCCH a tendance à sur-segmenter, surtout en cas de forte coloration. Cependant, notre approche est sensible dans les cas de faible coloration. Comme le montre la figure 6.15, certains noyaux faiblement colorés perdent leurs caractéristiques de forme, ce qui est tout à fait essentiel dans notre approche pour construire des caractéristiques profondes ; par conséquent, les noyaux sont manqués et considérés comme un fond.

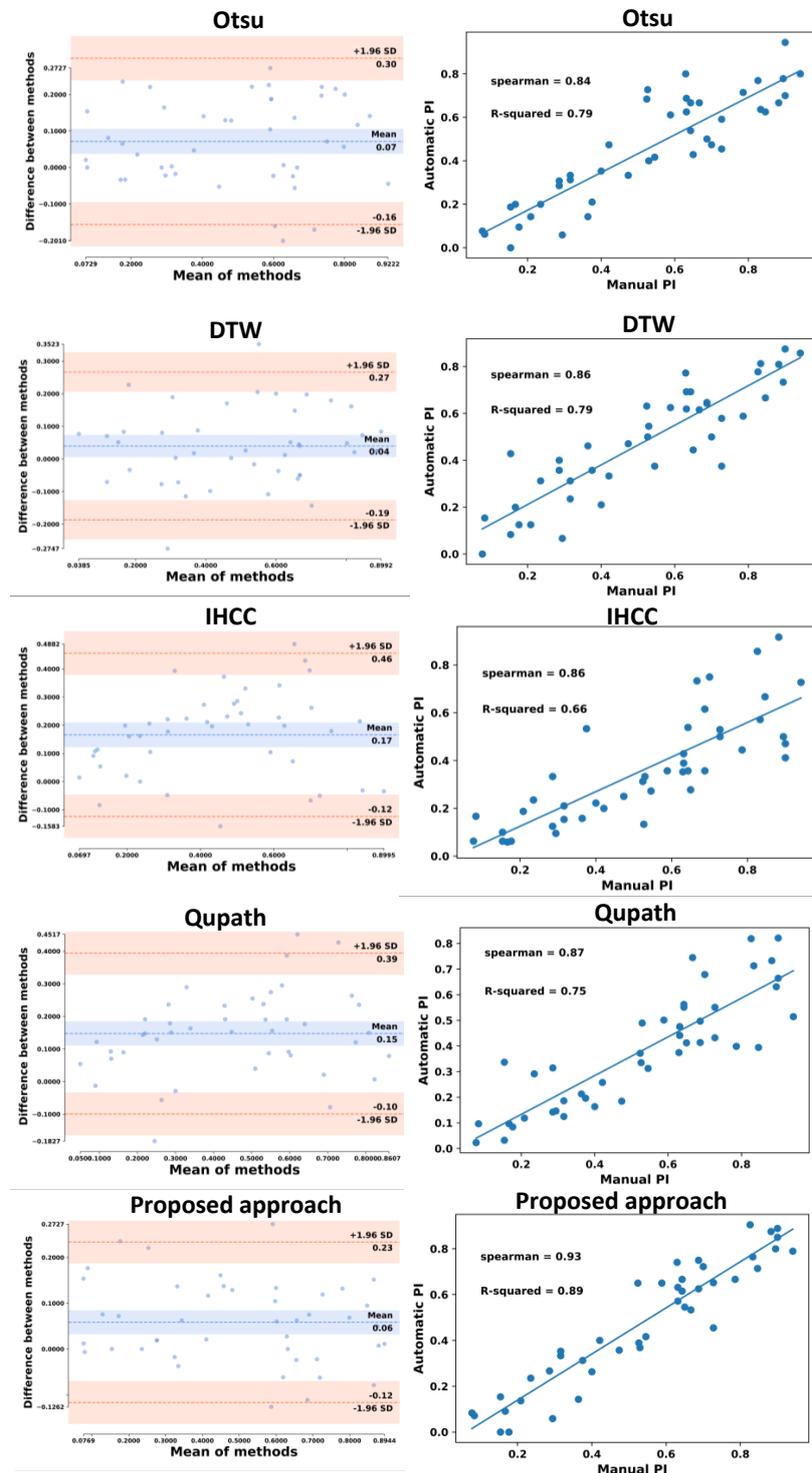


Fig. 6.14 Résultats de Spearman, R-carré et Bland-Altman de l'IP prédit et de l'IP manuel pour différentes méthodes. La différence entre les méthodes pour les graphiques de Bland-Altman correspond à (IP manuel - IP automatique).

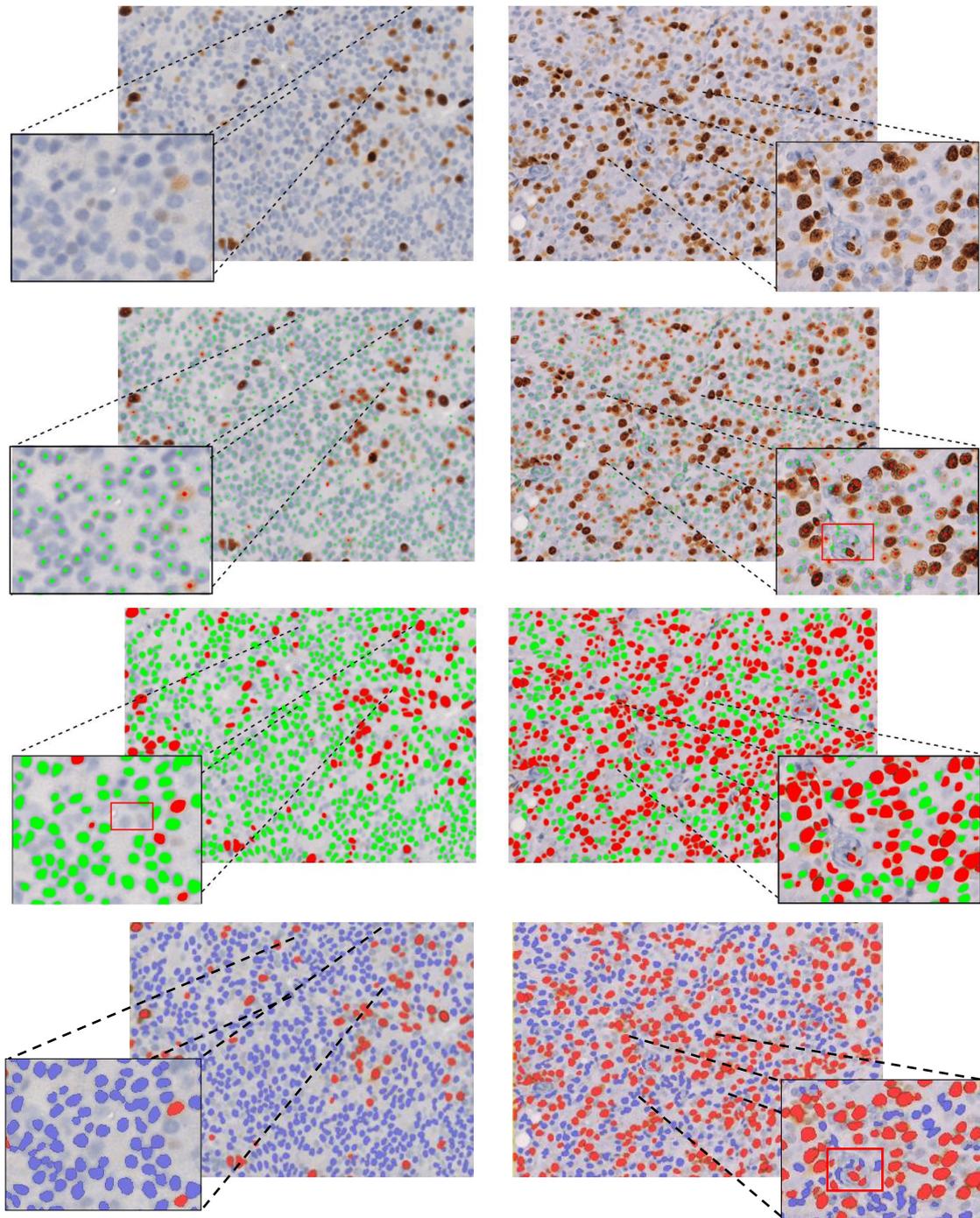


Fig. 6.15 Évaluation qualitative de l'estimation de l'IP. 1: image originale de deux régions avec un taux de prolifération différent. 2: Résultats de l'IHCCH. 3: Résultats de l'approche proposée. 4: Résultats de Qupath

6.6 Discussion

La pathologie assistée par ordinateur a montré ses avantages au fil des ans. Pour la détection précoce du cancer du sein, le comptage des cellules ou des noyaux est l'une des techniques les plus utilisées. Cependant, le comptage automatique des noyaux dans les images histopathologiques se heurte à des difficultés telles que les variations de couleur inter ou intra-nucléaires, les formes irrégulières et les noyaux qui se touchent ou se chevauchent. Nous proposons ici un pipeline d'estimation IP entièrement automatisé pour analyser les images histologiques du cancer du sein. Notez que les cas les plus critiques pour la phase d'expérimentation étaient les images avec des noyaux qui se chevauchent. Dans une telle situation, les techniques de séparation peuvent ne pas garantir une séparation précise, en particulier lorsque la probabilité de carte prédite d'un noyau prend une forme concave et est considérée comme deux noyaux. Les résultats montrent que le problème des noyaux qui se chevauchent peut affecter les performances de l'estimation de l'IP, même avec des techniques d'apprentissage profond pour la détection. En outre, l'analyse des images histologiques est confrontée à de nombreux défis. La variation de la coloration est l'un des problèmes que nous rencontrons lorsque différents laboratoires de pathologie colorent des lames de tissu qui présentent une apparence de couleur similaire mais pas identique. En raison de cette variation de couleur entre les laboratoires, les CNN formés avec les images d'un laboratoire ont généralement des performances inférieures aux images non vues de l'autre laboratoire. De nombreuses méthodes ont été proposées pour réduire l'erreur de généralisation, principalement classées en deux catégories : la normalisation de la couleur de la tache et l'augmentation de la couleur de la tache. La première vise à adapter les distributions de couleurs de formation et de test pour surmonter le problème de la variation des taches. La seconde reproduit une grande variété de variations réalistes des taches pendant l'apprentissage, produisant ainsi des CNN invariants par rapport aux taches.

Dans ce travail, nous avons quantifié l'effet de ces techniques sur les performances de deux modèles CNNs utilisés pour la segmentation et la classification. Les deux modèles sont entraînés avec/sans normalisation, avec une augmentation simple ou forte. Les résultats montrent qu'une simple augmentation sans normalisation est suffisante pour la tâche de classification. Pour la tâche de segmentation, le PQ de l'augmentation simple avec normalisation est de 59,12 et sans normalisation est de 51,31. De même, le PQ de l'augmentation forte avec normalisation est de 69,8 et sans normalisation est de 69,2. Par conséquent, nous pouvons remarquer que le modèle SER-Unet a présenté une sensibilité élevée à la variation de la tache et de la morphologie. Ainsi, l'application d'une forte augmentation a aidé le modèle à se généraliser et à obtenir de bonnes performances sur de nouvelles images non vues. Cependant, la normalisation de l'image dans cet ensemble de données n'a pas amélioré les

performances du modèle lorsqu'on lui a appliqué une forte augmentation. Pourtant, certains noyaux faiblement colorés sont manqués, ce qui peut s'expliquer par l'incapacité du modèle à extraire les caractéristiques profondes pertinentes de ces régions pour une meilleure détection, ou parfois les noyaux faiblement colorés sont manqués pendant le processus d'annotation en raison d'un mauvais ajustement du modèle. La généralisation des modèles d'apprentissage profond est une tâche difficile, et par conséquent, une évaluation plus approfondie de l'impact de la qualité des données sur l'IP devrait être analysée dans les travaux futurs.

L'étude présentée montre l'impact du chevauchement des noyaux sur la notation de l'IP du cancer du sein. Dans notre cadre, les régions d'intérêt sont sélectionnées manuellement par un pathologiste expert. Les études futures se concentreront sur l'automatisation de ce processus et examineront la relation avec les zones chevauchées pour estimer avec précision le score IP. En outre, nous nous concentrerons sur les performances de l'approche proposée dans les valeurs critiques de l'IP, en particulier lorsque l'IP est inférieur à 20 %.

6.7 Conclusion

Dans ce travail, une approche d'imagerie numérique est proposée pour aider les experts médicaux et réduire les variabilités inter-observateur et intra-observateur. Le pipeline entièrement automatisé estime l'IP pour aider les pathologistes dans leurs décisions. L'approche proposée a été validée sur un ensemble de données provenant du département de pathologie de l'hôpital HNFC en France et a obtenu les meilleurs résultats avec un score de Spearman égal à 0,93 et un R2 égal à 0,89.

Bien que l'approche proposée dans ce travail ait démontré des résultats prometteurs, la méthode proposée ne peut pas être appliquée directement à l'image entière de la lame et nécessite une sélection manuelle des régions d'intérêt. Les recherches futures pourraient étendre l'approche proposée à la sélection automatique des régions d'intérêt. En outre, les travaux futurs se concentreront sur l'évaluation de l'approche proposée sur différentes lames provenant de différents laboratoires. Enfin, bien que les approches d'apprentissage profond donnent de bonnes performances en DP, des données étiquetées sont nécessaires pour entraîner les modèles ; et nous devrions mentionner qu'un facteur important dans le développement de méthodes automatisées plus fiables et robustes d'analyse d'images DP sera accéléré par l'engagement de la communauté des pathologistes experts dans le processus de développement de modèles d'apprentissage profond.

Conclusion générale et Travaux futurs

«Il est facile de manquer le but et difficile de l'atteindre »

Aristote

Conclusion

Aujourd'hui, les solutions PHM sont largement adoptées grâce à divers capteurs intelligents et à d'énormes données de surveillance. Dans tous les domaines d'études, la technologie émergente d'intégration de l'analyse des données et de la modélisation prédictive offre une opportunité prometteuse d'améliorer les performances de la prise de décision. En outre, le principal objectif des pronostics est de relier les études des processus de dégradation et la gestion du cycle de vie des actifs critiques en utilisant intelligemment les données de surveillance de l'état et en estimant la durée de vie utile restante de l'actif. Cependant, la fonction de pronostic devient difficile avec les récents progrès réalisés dans les systèmes complexes. Les industries veulent utiliser pleinement la technologie pour mieux gérer leurs équipements. Dans cette thèse, nous nous sommes concentrés sur l'amélioration du pronostic des systèmes complexes en intégrant les avancées récentes dans le domaine de l'intelligence artificielle distribuée.

Ce manuscrit présente une approche de pronostic pour deux cas d'application industriel et médical.

Pour le premier cas industriel, on a proposé une approche multi-agents pour les systèmes techniques multi-composants, qui considère la propagation de la dégradation stochastique à travers ses composants. Cette approche fournit des indicateurs d'aide à la décision pour la planification conjointe de la production et de la maintenance au niveau du système. L'approche que nous avons proposée permet d'évaluer l'état de santé futur de toutes les entités d'un système (composants, fonctions ou services, sous-systèmes, voire l'ensemble du système) à partir du pronostic local de ses composants. Les indicateurs fournis par cette évaluation permettent de définir l'aptitude du système à accomplir les tâches futures

que la direction de la production souhaite lui assigner et permettent également d'identifier les composants pour lesquels une intervention de maintenance améliorerait au mieux cette aptitude si elle s'avère insuffisante pour garantir l'accomplissement des tâches de production conformément aux attentes.

Le deuxième cas industriel s'est concentré sur le pronostic fondé sur des données. Nous avons proposé le DeepAgent, un agent pour l'estimation de la durée de vie utile restante basé sur des données de séries temporelles. Le couplage de l'agent avec les récentes solutions d'apprentissage profond permet d'obtenir des performances de prédiction élevées en peu de temps. Une étude de cas de le turboréacteur de la NASA est utilisée pour montrer la supériorité l'approche proposée.

Dans une application médicale, une formalisation de la PHM médical est exposé et appliqué à un cas d'étude de la pathologie digitale. Nous avons constaté qu'au cours des dernières décennies, l'adoption généralisée des systèmes de santé électroniques a entraîné un flux de données dont la plupart des organisations ne savent pas quoi en faire. Les médecins et les experts se sont retrouvés au milieu d'appareils intelligents et de vastes quantités de données, ouvrant la porte à une large application de l'intelligence artificielle dans les soins de santé. La recherche sur l'intelligence artificielle en médecine est en pleine expansion grâce à l'intégration de dispositifs intelligents et de nouvelles technologies dans les organismes de soins de santé. Cependant, les organismes de soins de santé ont trop souvent du mal à démontrer la meilleure performance des soins. Dans ce travail, nous nous sommes concentrés sur l'importance de la relation entre les décisions médicales et d'autres étapes différentes, telles que l'acquisition de données, le prétraitement des données et l'assistance d'experts dans les modèles d'intelligence artificielle. Nous nous sommes également attachés à souligner la nécessité de développer une nouvelle méthodologie pour fournir de bonnes pratiques depuis l'acquisition des données jusqu'à la prise de décision. Enfin, nous avons montré l'efficacité de notre approche dans une étude de cas de pathologie digitale pour le pronostic du cancer de sein.

De toute évidence, aucun framework n'est parfait. Cependant, les améliorations proposées au cadre de pronostic et de gestion de la santé existant présentent un grand potentiel, en s'attaquant aux problèmes omis dans la fonction de pronostic et en améliorant les performances par rapport aux méthodes traditionnelles. Bien que les travaux présentés dans cette thèse contribuent à la communauté de la PHM en mettant l'accent sur les interdépendances des étapes du pronostic, des améliorations de ces travaux peuvent néanmoins être apportées :

- Nous avons supposé que les données des capteurs sont de bonne qualité. Elles sont toutefois soumises à un bruit réel, ce qui rend difficile toute extraction d'informations

fiables. Il est donc nécessaire de proposer une méthode durable et robuste qui prenne en compte l'incertitude des données.

- Pour un pronostic fondé sur les données, nous avons proposé une solution basée sur un réseau de neurones qui est considéré comme une boîte noire. Les industriels ont des difficultés à utiliser de telles solutions et préfèrent les solutions interprétables.
- Un agent de pronostic local est proposé pour le pronostic basé sur les données. Néanmoins, cet agent n'exploite pas les données de composants similaires en temps réel.
- Nous avons proposé les premières démarches de la PHM médicale dans les derniers chapitres, et nous avons montré que l'environnement médical est très complexe. Cependant, nous n'avons pas envisagé l'application d'agents pour réduire cette complexité, ce qui présente une nouvelle voie à explorer.

Travaux futurs

Parmi les limites soulignées ci-dessus, certaines orientations futures peuvent être envisagées pour l'application industrielle et médicale :

- Les solutions de pronostic fondées sur les données sont largement utilisées. Cependant, même s'il existe des actifs similaires, le pronostic collaboratif entre ces actifs est moins abordé dans la littérature. Comme orientation future, DAP l'agent de pronostic proposé peut partager et coordonner avec des agents similaires pour effectuer un apprentissage progressif et tirer un avantage des données en temps réel.
- En outre, la recherche peut être étendue pour intégrer les récentes avancées en matière d'intelligence artificielle explicable (xAI) pour la prédiction de la durée de vie résiduelle utile. xAI attire l'attention des industriels depuis une dizaine d'années. xAI met en évidence les principales caractéristiques utilisées par le modèle pour effectuer une prédiction. Cela peut aider les industriels à suivre les causes des anomalies et à les éviter à l'avenir. L'intégration de ces techniques dans une solution à base d'agents aide à la prise de décision en temps réel.
- Nous avons proposé les premiers pas vers la PHM médicale. Nous avons également montré que l'environnement médical est complexe, et qu'un framework est nécessaire pour organiser les étapes de la PHM pour une meilleure prise de décision. L'approche basée sur les agents est une solution prometteuse, où chaque agent peut interagir avec

l'utilisateur et d'autres agents pour aider l'assistance des médecins et intégrer leur expertise en vue d'une utilisation future.

Production scientifique

Publications dans les revues de renommées

1. Benaggoune, K., Mouss, L. H., Abdessemed, A. A., Bensakhria, M. (2020). Holonic agent-based approach for system-level remaining useful life estimation with stochastic dependence. *International Journal of Computer Integrated Manufacturing*, 33(10-11), 1089-1104.
2. Benaggoune, K., Al-masry, Z. Ma, J. Devalland , C., Mouss, H., Zerhouni, N. Impact of overlapping nuclei in breast cancer Ki67 proliferation index scoring using deep learning technique. *Computers in Biology and Medicine* (Submitted, Second Revision).
3. A. Benayache, A. Bilami, Khaled Benaggoune and H. Mouss (2021). Industrial IoT middleware using multi-agent system for consistency-based diagnostic in cement factory. *International Journal of Autonomous and Adaptive Communications Systems*,14 (in press).

Conférences Internationales

1. Benaggoune, K., Al-masry, Z. Ma, J. Devalland , C., Zerhouni, N., Mouss, H. Data labeling impact on deep learning models indigital pathology: A breast cancer case study. *ICCIS*. Chapter in 2021 Springer book "Intelligent Vision in Healthcare". (Accepted).
2. Benaggoune, K., Meraghni, S., Ma, J., Mouss, L. H., Zerhouni, N. (2020, May). Post prognostic decision for predictive maintenance planning with remaining useful life uncertainty. In *2020 Prognostics and Health Management Conference (PHM-Besançon)* (pp. 194-199). IEEE.
3. Benaggoune, K., Mouss, H., Abdessemed, A. A., Bensakhria, M. (2018, November). Agent-based prognostic function for multicomponents system with stochastic depen-

dence. In 2018 International Conference on Applied Smart Systems (ICASS) (pp. 1-5). IEEE.

Références bibliographiques

- [1] Racha Khelif. *Estimation du RUL par des approches basées sur l'expérience: de la donnée vers la connaissance*. PhD thesis, 2015.
- [2] K Benaggoune, LH Mouss, AA Abdessemed, and M Bensakhria. Holonic agent-based approach for system-level remaining useful life estimation with stochastic dependence. *International Journal of Computer Integrated Manufacturing*, pages 1–16, 2020.
- [3] Peter Bankhead, Maurice B Loughrey, José A Fernández, Yvonne Dombrowski, Darragh G McArt, Philip D Dunne, Stephen McQuaid, Ronan T Gray, Liam J Murray, Helen G Coleman, et al. Qupath: Open source software for digital pathology image analysis. *Scientific reports*, 7(1):16878, 2017.
- [4] John D Sterman. Learning in and about complex systems. *System dynamics review*, 10(2-3):291–330, 1994.
- [5] Huixing Meng and Yan-Fu Li. A review on prognostics and health management (phm) methods of lithium-ion batteries. *Renewable and Sustainable Energy Reviews*, 116: 109405, 2019.
- [6] Ahmed Mosallam, Kamal Medjaher, and Noureddine Zerhouni. Component based data-driven prognostics for complex systems: Methodology and applications. In *2015 first international conference on reliability systems engineering (icrse)*, pages 1–7. IEEE, 2015.
- [7] Kym Fraser, Hans-Henrik Hvolby, and Tzu-Liang Bill Tseng. Maintenance management models: a study of the published literature to identify empirical evidence. *International Journal of Quality & Reliability Management*, 2015.
- [8] Peter A Sandborn and Chris Wilkinson. A maintenance planning and business case development model for the application of prognostics and health management (phm) to electronic systems. *Microelectronics Reliability*, 47(12):1889–1901, 2007.
- [9] Serdar Uckun, Kai Goebel, and Peter JF Lucas. Standardizing research methods for prognostics. In *2008 International Conference on Prognostics and Health Management*, pages 1–10. IEEE, 2008.
- [10] Tiedo Tinga and Richard Loendersloot. Aligning phm, shm and cbm by understanding the physical system failure behaviour. In *European Conference on the Prognostics and Health Management Society*, 2014.

- [11] Rafael Gouriveau, Kamal Medjaher, and Nouredine Zerhouni. *From prognostics and health systems management to predictive maintenance 1: Monitoring and prognostics*. John Wiley & Sons, 2016.
- [12] Nam-Ho Kim, Dawn An, and Joo-Ho Choi. *Prognostics and health management of engineering systems: An introduction*. Springer, 2016.
- [13] JZ Sikorska, Melinda Hodkiewicz, and Lin Ma. Prognostic modelling options for remaining useful life estimation by industry. *Mechanical systems and signal processing*, 25(5):1803–1836, 2011.
- [14] Andrew KS Jardine and Albert HC Tsang. *Maintenance, replacement, and reliability: theory and applications*. CRC press, 2013.
- [15] Aiwina Heng, Andy CC Tan, Joseph Mathew, Neil Montgomery, Dragan Banjevic, and Andrew KS Jardine. Intelligent condition-based prediction of machinery reliability. *Mechanical Systems and Signal Processing*, 23(5):1600–1614, 2009.
- [16] Georgios Papadopoulos, Peter J Edwards, and Alan F Murray. Confidence estimation methods for neural networks: A practical comparison. *IEEE transactions on neural networks*, 12(6):1278–1287, 2001.
- [17] Michael J Roemer and Gregory J Kacprzynski. Advanced diagnostics and prognostics for gas turbine engine risk assessment. In *2000 IEEE Aerospace Conference. Proceedings (Cat. No. 00TH8484)*, volume 6, pages 345–353. IEEE, 2000.
- [18] Rolf Isermann. *Fault-diagnosis systems: an introduction from fault detection to fault tolerance*. Springer Science & Business Media, 2006.
- [19] Pauline Ribot. *Vers l'intégration diagnostic/pronostic pour la maintenance des systèmes complexes*. PhD thesis, 2009.
- [20] Venu K Murthy and E Vikram Krishnamurthy. Multiset of agents in a network for simulation of complex systems. In *Recent Advances in Nonlinear Dynamics and Synchronization*, pages 153–200. Springer, 2009.
- [21] Gregory W Vogl, Brian A Weiss, and Moneer Helu. A review of diagnostic and prognostic capabilities and best practices for manufacturing. *Journal of Intelligent Manufacturing*, 30(1):79–95, 2019.
- [22] Esteban Le Maitre González, Xavier Desforges, and Bernard Archimède. Assessment method of the multicomponent systems future ability to achieve productive tasks from local prognoses. *Reliability Engineering & System Safety*, 180:403–415, 2018.
- [23] Xiao-Sheng Si, Wenbin Wang, Chang-Hua Hu, and Dong-Hua Zhou. Remaining useful life estimation—a review on the statistical data driven approaches. *European journal of operational research*, 213(1):1–14, 2011.
- [24] Prodromos Daoutidis, Wentao Tang, and Sujit S Jogwar. Decomposing complex plants for distributed control: Perspectives from network theory. *Computers & Chemical Engineering*, 114:43–51, 2018.

- [25] Pauline Ribot, Yannick Pencolé, and Michel Combacau. Prognostics for the maintenance of distributed systems. In *the International Conference on Prognostics and Health Management, Denver, USA, 2008*.
- [26] Bhaskar Saha, Sankalita Saha, and Kai Goebel. A distributed prognostic health management architecture. *Proceedings of MFPT, 2009, 2009*.
- [27] Jacques Ferber. *Multi-agent systems: an introduction to distributed artificial intelligence*, volume 1. Addison-Wesley Reading, 1995.
- [28] Yves Demazeau and AC Rocha Costa. Populations and organizations in open multi-agent systems. In *Proceedings of the 1st National Symposium on Parallel and Distributed AI*, pages 1–13, 1996.
- [29] Michael Wooldridge and Nicholas R Jennings. Intelligent agents: Theory and practice. *The knowledge engineering review*, 10(2):115–152, 1995.
- [30] Rodney Brooks. A robust layered control system for a mobile robot. *IEEE journal on robotics and automation*, 2(1):14–23, 1986.
- [31] Maja J Mataric. *Interaction and intelligent behavior*. 1994.
- [32] Shaw Green, Leon Hurst, Brenda Nangle, Pádraig Cunningham, Fergal Somers, and Richard Evans. Software agents: A review. *Department of Computer Science, Trinity College Dublin, Tech. Rep. TCS-CS-1997-06*, 1997.
- [33] Jing Xie and Chen-Ching Liu. Multi-agent systems and their applications. *Journal of International Council on Electrical Engineering*, 7(1):188–197, 2017.
- [34] Qiang Feng, Songjie Li, and Bo Sun. An intelligent fleet condition-based maintenance decision making method based on multi-agent. *International Journal of Prognostics and Health Management Volume 3 (Color)*, 110, 2012.
- [35] Guangjun Zhang and Yaodong Li. Agent-based modeling and simulation for open complex systems. In *2010 2nd International Asia Conference on Informatics in Control, Automation and Robotics (CAR 2010)*, volume 1, pages 504–507. IEEE, 2010.
- [36] Jean-Luc Koning and Charles X Ling. *Cognitive agents and multiagent interaction*, 2003.
- [37] Eric Bonabeau. Agent-based modeling: Methods and techniques for simulating human systems. *Proceedings of the national academy of sciences*, 99(suppl 3):7280–7287, 2002.
- [38] OLIVIER Senechal and D Trenteseaux. Spécification d’une méthodologie pour l’aide à la décision dans le cadre de la maintenance basée sur la performance environnementale application aux systèmes ferroviaires. *Congrès International de Génie Industriel (CIGI), Compiègne, France, 2017*.
- [39] Werner Kritzing, Matthias Karner, Georg Traar, Jan Henjes, and Wilfried Sihn. Digital twin in manufacturing: A categorical literature review and classification. *IFAC-PapersOnLine*, 51(11):1016–1022, 2018.

- [40] M Dievart, P Charbonnaud, and X Desforges. An embedded distributed tool for transportation systems health assessment. 2010.
- [41] Mauricio Paletta and Pilar Herrero. A mas-based negotiation mechanism to deal with service collaboration in cloud computing. In *2009 International Conference on Intelligent Networking and Collaborative Systems*, pages 147–153. IEEE, 2009.
- [42] Stefan Poslad. Specifying protocols for multi-agent systems interaction. *ACM Transactions on Autonomous and Adaptive Systems (TAAS)*, 2(4):15–es, 2007.
- [43] Fabio Bellifemine, Federico Bergenti, Giovanni Caire, and Agostino Poggi. Jade—a java agent development framework. In *Multi-agent programming*, pages 125–147. Springer, 2005.
- [44] Seth Tisue and Uri Wilensky. Netlogo: A simple environment for modeling complexity. In *International conference on complex systems*, volume 21, pages 16–21. Boston, MA, 2004.
- [45] Sanling Song, David W Coit, Qianmei Feng, and Hao Peng. Reliability analysis for multi-component systems subject to multiple dependent competing failure processes. *IEEE Transactions on Reliability*, 63(1):331–345, 2014.
- [46] Ying Wu, Liyang Xie, Ningxiang Wu, and Jindong Li. Time-dependent reliability model of components with strength degradation based-on gamma process. In *The Proceedings of 2011 9th International Conference on Reliability, Maintainability and Safety*, pages 363–368. IEEE, 2011.
- [47] Wael Hafsa, Brigitte Chebel-Morello, Christophe Varnier, Kamal Medjaher, and Nouredine Zerhouni. Prognostics of health status of multi-component systems with degradation interactions. In *2015 International Conference on Industrial Engineering and Systems Management (IESM)*, pages 870–875. IEEE, 2015.
- [48] Hamed Khorasgani, Gautam Biswas, and Shankar Sankararaman. Methodologies for system-level remaining useful life prediction. *Reliability Engineering & System Safety*, 154:8–18, 2016.
- [49] Hui Shi and Jianchao Zeng. Real-time prediction of remaining useful life and preventive opportunistic maintenance strategy for multi-component systems considering stochastic dependence. *Computers & Industrial Engineering*, 93:192–204, 2016.
- [50] Khac Tuan Huynh, Anne Barros, and Christophe Bérenguer. Multi-level decision-making for the predictive maintenance of k -out-of- n : F deteriorating systems. *IEEE transactions on Reliability*, 64(1):94–117, 2014.
- [51] Ameneh Forouzandeh Shahraki, Om Prakash Yadav, and Chrysafis Vogiatzis. Selective maintenance optimization for multi-state systems considering stochastically dependent components and stochastic imperfect maintenance actions. *Reliability Engineering & System Safety*, 196:106738, 2020.
- [52] Heping Li, Estelle Deloux, and Laurence Dieulle. A condition-based maintenance policy for multi-component systems with lévy copulas dependence. *Reliability Engineering & System Safety*, 149:44–55, 2016.

- [53] Om Prakash, Arun Kumar Samantaray, and Ranjan Bhattacharyya. Model-based multi-component adaptive prognosis for hybrid dynamical systems. *Control Engineering Practice*, 72:1–18, 2018.
- [54] Zhenglin Liang, Ajith Kumar Parlikad, Rengarajan Srinivasan, and Nipat Rasmekomen. On fault propagation in deterioration of multi-component systems. *Reliability Engineering & System Safety*, 162:72–80, 2017.
- [55] Otilia Elena Dragomir, Rafael GOURTVEAU, Nouredine Zerhouni, and Florin Dragomir. Framework for a distributed and hybrid prognostic system. *IFAC Proceedings Volumes*, 40(18):431–436, 2007.
- [56] Xavier Desforges, Mickaël Diévar, and Bernard Archimède. A prognostic function for complex systems to support production and maintenance co-operative planning based on an extension of object oriented bayesian networks. *Computers in Industry*, 86:34–51, 2017.
- [57] Leonardo Ramos Rodrigues. Remaining useful life prediction for multiple-component systems based on a system-level performance indicator. *IEEE/ASME Transactions on Mechatronics*, 23(1):141–150, 2017.
- [58] Steven D Eppinger, Nitin R Joglekar, Alison Olechowski, and Terence Teo. Improving the systems engineering process with multilevel analysis of interactions. *AI EDAM*, 28(4):323–337, 2014.
- [59] Nikolaos Papakonstantinou, Seppo Sierla, Bryan O’Halloran, and Irem Y Tumer. A simulation based approach to automate event tree generation for early complex system designs. In *International Design Engineering Technical Conferences and Computers and Information in Engineering Conference*, volume 55867, page V02BT02A008. American Society of Mechanical Engineers, 2013.
- [60] Esteban Lemaitre González. *Définition d’une fonction de pronostic des systèmes techniques multi composants prenant en compte les incertitudes à partir des pronostics de leurs composants*. PhD thesis, 2019.
- [61] Nima Gorjian, Lin Ma, Murthy Mittinty, Prasad Yarlagadda, and Yong Sun. A review on degradation models in reliability analysis. In *Engineering Asset Lifecycle Management*, pages 369–384. Springer, 2010.
- [62] Jordi Dunjó, Vasilis Fthenakis, Juan A Vílchez, and Josep Arnaldos. Hazard and operability (hazop) analysis. a literature review. *Journal of hazardous materials*, 173(1-3):19–32, 2010.
- [63] Alexander Kossiakoff, William N Sweet, et al. *Systems engineering: Principles and practices*. Wiley Online Library, 2003.
- [64] Minou CA Olde Keizer, Simme Douwe P Flapper, and Ruud H Teunter. Condition-based maintenance policies for systems with multiple dependent components: A review. *European Journal of Operational Research*, 261(2):405–420, 2017.
- [65] LC Thomas. A survey of maintenance and replacement models for maintainability and reliability of multi-item systems. *Reliability Engineering*, 16(4):297–309, 1986.

- [66] Robin P Nicolai and Rommert Dekker. Optimal maintenance of multi-component systems: a review. In *Complex system maintenance handbook*, pages 263–286. Springer, 2008.
- [67] DNP Murthy and DG Nguyen. Study of a multi-component system with failure interaction. *European Journal of Operational Research*, 21(3):330–338, 1985.
- [68] Khairy Ahmed Helmy Kobbacy and DN Prabhakar Murthy. *Complex system maintenance handbook*. Springer Science & Business Media, 2008.
- [69] Han-Ping Hong, Wenxing Zhou, Shenwei Zhang, and W Ye. Optimal condition-based maintenance decisions for systems with dependent stochastic degradation of components. *Reliability Engineering & System Safety*, 121:276–288, 2014.
- [70] Hao Peng, Qianmei Feng, and David W Coit. Reliability and maintenance modeling for systems subject to multiple dependent competing failure processes. *IIE transactions*, 43(1):12–22, 2010.
- [71] Paulo Leitao. Multi-agent systems in industry: Current trends & future challenges. In *Beyond Artificial Intelligence*, pages 197–201. Springer, 2013.
- [72] O Chouhal, HL Mouss, K Benagoune, and R Mahdaoui. A multi-agent solution to distributed fault diagnosis of preheater cement cyclone. *Journal of Advanced Manufacturing Systems*, 15(04):209–221, 2016.
- [73] Zubair Ahmad Khan, Muhammad Tahir Khan, Izhar Ul Haq, and Kamran Shah. Agent-based fault tolerant framework for manufacturing process automation. *International Journal of Computer Integrated Manufacturing*, 32(3):268–277, 2019.
- [74] Matheus E Leusin, Mirko Kück, Enzo M Frazzon, Mauricio U Maldonado, and Michael Freitag. Potential of a multi-agent system approach for production control in smart factories. *IFAC-PapersOnLine*, 51(11):1459–1464, 2018.
- [75] Sara Montagna, Silva D Castro, Abreu P Henriques, Marcia Ito, Michael Ignaz Schumacher, and Eloisa Vargiu. Autonomous agents and multi-agent systems applied in healthcare. *Artificial intelligence in medicine*, 2019.
- [76] Arthur Koestler. Beyond atomism and holism—the concept of the holon. *Perspectives in Biology and Medicine*, 13(2):131–154, 1970.
- [77] Carlos Pascal and Doru Panescu. On increasing adaptability of holonic systems. In *Service Orientation in Holonic and Multi-Agent Manufacturing*, pages 229–241. Springer, 2018.
- [78] Mehdi Ghazavi Dozein, Hassan Monsef, Javad Ansari, and Ahad Kazemi. An effective decentralized scheme to monitor and control the reactive power flow: a holonic-based strategy. *International Transactions on Electrical Energy Systems*, 26(6):1184–1209, 2016.
- [79] Adoum Fadil, Joffrey Clarhaut, Guillaume Branger, and Damien Trentesaux. Smart condition based maintenance (s-cbm) for a fleet of mobile entities. In *International Workshop on Service Orientation in Holonic and Multi-Agent Manufacturing*, pages 115–123. Springer, 2016.

- [80] Christian Gerber, Jörg Siekmann, and Gero Vierke. Holonic multi-agent systems. 1999.
- [81] Kalliopi Kravari and Nick Bassiliades. A survey of agent platforms. *Journal of Artificial Societies and Social Simulation*, 18(1):11, 2015.
- [82] Fabio Bellifemine, Agostino Poggi, and Giovanni Rimassa. Jade—a fipa-compliant agent framework. In *Proceedings of PAAM*, volume 99, page 33. London, 1999.
- [83] Ayoub Benayache, Azeddine Bilami, Sami Barkat, Pascal Lorenz, and Hafnaoui Taleb. Msm: A microservice middleware for smart wsn-based iot application. *Journal of Network and Computer Applications*, 144:138–154, 2019.
- [84] Khanh Le Son, Mitra Fouladirad, Anne Barros, Eric Levrat, and Benoît Iung. Remaining useful life estimation based on stochastic deterioration models: A comparative study. *Reliability Engineering & System Safety*, 112:165–175, 2013.
- [85] Tianyi Wang, Jianbo Yu, David Siegel, and Jay Lee. A similarity-based prognostics approach for remaining useful life estimation of engineered systems. In *2008 international conference on prognostics and health management*, pages 1–6. IEEE, 2008.
- [86] Celestino Ordóñez, Fernando Sánchez Lasheras, Javier Roca-Pardiñas, and Francisco Javier de Cos Juez. A hybrid arima–svm model for the study of the remaining useful life of aircraft engines. *Journal of Computational and Applied Mathematics*, 346:184–191, 2019.
- [87] Abdallah Chehade, Scott Bonk, and Kaibo Liu. Sensory-based failure threshold estimation for remaining useful life prediction. *IEEE Transactions on Reliability*, 66(3):939–949, 2017.
- [88] Mei Wang and Jie Wang. Chmm for tool condition monitoring and remaining useful life prediction. *The International Journal of Advanced Manufacturing Technology*, 59(5-8):463–471, 2012.
- [89] Jun Wu, Chaoyong Wu, Shuai Cao, Siu Wing Or, Chao Deng, and Xinyu Shao. Degradation data-driven time-to-failure prognostics approach for rolling element bearings in electrical machines. *IEEE Transactions on Industrial Electronics*, 66(1): 529–539, 2018.
- [90] Mohammed Bouzenita, Leila-Hayet Mouss, Farid Melgani, and Toufik Bentrchia. New fusion and selection approaches for estimating the remaining useful life using gaussian process regression and induced ordered weighted averaging operators. *Quality and Reliability Engineering International*, 36(6):2146–2169, 2020.
- [91] Racha Khelif, Brigitte Chebel-Morello, Simon Malinowski, Emna Laajili, Farhat Fnaiech, and Nouredine Zerhouni. Direct remaining useful life estimation based on support vector regression. *IEEE Transactions on industrial electronics*, 64(3): 2276–2285, 2016.

- [92] Tarek Berghout, Leïla-Hayet Mouss, Ouahab Kadri, Lotfi Saïdi, and Mohamed Benbouzid. Aircraft engines remaining useful life prediction with an improved online sequential extreme learning machine. *Applied Sciences*, 10(3):1062, 2020.
- [93] Houda Sarih, Ayeley Tchangani, Kamal Medjaher, and PERE Eric. Critical components identification based on experience feedback data in the framework of phm. *IFAC-PapersOnLine*, 51(11):429–434, 2018.
- [94] Wennian Yu, II Yong Kim, and Chris Mechefske. Remaining useful life estimation using a bidirectional recurrent neural network based autoencoder scheme. *Mechanical Systems and Signal Processing*, 129:764–780, 2019.
- [95] Liang Guo, Naipeng Li, Feng Jia, Yaguo Lei, and Jing Lin. A recurrent neural network based health indicator for remaining useful life prediction of bearings. *Neurocomputing*, 240:98–109, 2017.
- [96] Sepp Hochreiter and Jürgen Schmidhuber. Long short-term memory. *Neural computation*, 9(8):1735–1780, 1997.
- [97] Yuting Wu, Mei Yuan, Shaopeng Dong, Li Lin, and Yingqi Liu. Remaining useful life estimation of engineered systems using vanilla lstm neural networks. *Neurocomputing*, 275:167–179, 2018.
- [98] Yongzhi Zhang, Rui Xiong, Hongwen He, and Michael G Pecht. Long short-term memory recurrent neural network for remaining useful life prediction of lithium-ion batteries. *IEEE Transactions on Vehicular Technology*, 67(7):5695–5705, 2018.
- [99] Ahmed Elsheikh, Soumaya Yacout, and Mohamed-Salah Ouali. Bidirectional handshaking lstm for remaining useful life prediction. *Neurocomputing*, 323:148–156, 2019.
- [100] Shuai Zheng, Kosta Ristovski, Ahmed Farahat, and Chetan Gupta. Long short-term memory network for remaining useful life estimation. In *2017 IEEE international conference on prognostics and health management (ICPHM)*, pages 88–95. IEEE, 2017.
- [101] Giduthuri Sateesh Babu, Peilin Zhao, and Xiao-Li Li. Deep convolutional neural network based regression approach for estimation of remaining useful life. In *International conference on database systems for advanced applications*, pages 214–228. Springer, 2016.
- [102] Lei Ren, Yaqiang Sun, Hao Wang, and Lin Zhang. Prediction of bearing remaining useful life with deep convolution neural network. *IEEE Access*, 6:13041–13049, 2018.
- [103] Qinglong An, Zhengrui Tao, Xingwei Xu, Mohamed El Mansori, and Ming Chen. A data-driven model for milling tool remaining useful life prediction with convolutional and stacked lstm network. *Measurement*, 154:107461, 2020.
- [104] Serkan Kiranyaz, Turker Ince, Ridha Hamila, and Moncef Gabbouj. Convolutional neural networks for patient-specific ecg classification. In *2015 37th Annual International Conference of the IEEE Engineering in Medicine and Biology Society (EMBC)*, pages 2608–2611. IEEE, 2015.

- [105] Serkan Kiranyaz, Onur Avci, Osama Abdeljaber, Turker Ince, Moncef Gabbouj, and Daniel J Inman. 1d convolutional neural networks and applications: A survey. *arXiv preprint arXiv:1905.03554*, 2019.
- [106] Ali Al-Dulaimi, Soheil Zabihi, Amir Asif, and Arash Mohammadi. A multimodal and hybrid deep neural network model for remaining useful life estimation. *Computers in Industry*, 108:186–196, 2019.
- [107] Jialin Li, Xueyi Li, and David He. A directed acyclic graph network combined with cnn and lstm for remaining useful life prediction. *IEEE Access*, 7:75464–75475, 2019.
- [108] Yexu Zhou, Yuting Gao, Yiran Huang, Michael Hefenbrock, Till Riedel, and Michael Beigl. Automatic remaining useful life estimation framework with embedded convolutional lstm as the backbone. *arXiv preprint arXiv:2008.03961*, 2020.
- [109] Shaojie Bai, J Zico Kolter, and Vladlen Koltun. An empirical evaluation of generic convolutional and recurrent networks for sequence modeling. *arXiv preprint arXiv:1803.01271*, 2018.
- [110] Jungan Chen, Danjiang Chen, and Gaoping Liu. Using temporal convolution network for remaining useful lifetime prediction. *Engineering Reports*, page e12305.
- [111] Hang Wang, Minjun Peng, Renyi Xu, Hong Xia, and Hanan Saeed. Remaining useful life prediction based on improved temporal convolutional network for nuclear power plant valves. *Frontiers in Energy Research*, 8:296, 2020.
- [112] Wensi Yang, Qingfeng Yao, Kejiang Ye, and Cheng-Zhong Xu. Empirical mode decomposition and temporal convolutional networks for remaining useful life estimation. *International Journal of Parallel Programming*, 48(1):61–79, 2020.
- [113] Aaron van den Oord, Sander Dieleman, Heiga Zen, Karen Simonyan, Oriol Vinyals, Alex Graves, Nal Kalchbrenner, Andrew Senior, and Koray Kavukcuoglu. Wavenet: A generative model for raw audio. *arXiv preprint arXiv:1609.03499*, 2016.
- [114] Fisher Yu and Vladlen Koltun. Multi-scale context aggregation by dilated convolutions. *arXiv preprint arXiv:1511.07122*, 2015.
- [115] Pedro Lara-Benítez, Manuel Carranza-García, Jorge García-Gutiérrez, and José C Riquelme. Asynchronous dual-pipeline deep learning framework for online data stream classification. *Integrated Computer-Aided Engineering*, (Preprint):1–19.
- [116] Kaiming He, Xiangyu Zhang, Shaoqing Ren, and Jian Sun. Deep residual learning for image recognition. In *Proceedings of the IEEE conference on computer vision and pattern recognition*, pages 770–778, 2016.
- [117] A Saxena and K Goebel. Phm08 challenge data set. *NASA Ames Prognostics Data Repository*, 2008.
- [118] Abhinav Saxena, Kai Goebel, Don Simon, and Neil Eklund. Damage propagation modeling for aircraft engine run-to-failure simulation. In *2008 international conference on prognostics and health management*, pages 1–9. IEEE, 2008.

- [119] Emmanuel Ramasso. Investigating computational geometry for failure prognostics. 2014.
- [120] Ali Al-Dulaimi, Amir Asif, and Arash Mohammadi. Noisy parallel hybrid model of nbgru and ncn architectures for remaining useful life estimation. *Quality Engineering*, 32(3):371–387, 2020.
- [121] Han Li, Wei Zhao, Yuxi Zhang, and Enrico Zio. Remaining useful life prediction using multi-scale deep convolutional neural network. *Applied Soft Computing*, 89: 106113, 2020.
- [122] Yan Song, Shengyao Gao, Yibin Li, Lei Jia, Qiqiang Li, and Fuzhen Pang. Distributed attention-based temporal convolutional network for remaining useful life prediction. *IEEE Internet of Things Journal*, 2020.
- [123] Xiang Li, Qian Ding, and Jian-Qiao Sun. Remaining useful life estimation in prognostics using deep convolution neural networks. *Reliability Engineering & System Safety*, 172:1–11, 2018.
- [124] Chong Zhang, Pin Lim, A Kai Qin, and Kay Chen Tan. Multiobjective deep belief networks ensemble for remaining useful life estimation in prognostics. *IEEE transactions on neural networks and learning systems*, 28(10):2306–2318, 2016.
- [125] Andres Ruiz-Tagle Palazuelos, Enrique López Droguett, and Rodrigo Pascual. A novel deep capsule neural network for remaining useful life estimation. *Proceedings of the Institution of Mechanical Engineers, Part O: Journal of Risk and Reliability*, 234(1):151–167, 2020.
- [126] André Listou Ellefsen, Emil Bjørlykhaug, Vilmar Æsøy, Sergey Ushakov, and Houxiang Zhang. Remaining useful life predictions for turbofan engine degradation using semi-supervised deep architecture. *Reliability Engineering & System Safety*, 183: 240–251, 2019.
- [127] Lahiru Jayasinghe, Tharaka Samarasinghe, Chau Yuenv, Jenny Chen Ni Low, and Shuzhi Sam Ge. Temporal convolutional memory networks for remaining useful life estimation of industrial machinery. In *2019 IEEE International Conference on Industrial Technology (ICIT)*, pages 915–920. IEEE, 2019.
- [128] Hanbo Yang, Fei Zhao, Gedong Jiang, Zheng Sun, and Xuesong Mei. A novel deep learning approach for machinery prognostics based on time windows. *Applied Sciences*, 9(22):4813, 2019.
- [129] Jeff Heaton. *Introduction to neural networks with Java*. Heaton Research, Inc., 2008.
- [130] Xiaosong Hu, Shengbo Eben Li, Zhenzhong Jia, and Bo Egardt. Enhanced sample entropy-based health management of li-ion battery for electrified vehicles. *Energy*, 64: 953–960, 2014.
- [131] Abhimanyu S Ahuja. The impact of artificial intelligence in medicine on the future role of the physician. *PeerJ*, 7:e7702, 2019.

- [132] Vasileios C Pezoulas, Konstantina D Kourou, Fanis Kalatzis, Themis P Exarchos, Aliko Venetsanopoulou, Evi Zampeli, Saviana Gandolfo, Fotini Skopouli, Salvatore De Vita, Athanasios G Tzioufas, et al. Medical data quality assessment: On the development of an automated framework for medical data curation. *Computers in biology and medicine*, 107:270–283, 2019.
- [133] Mowafa S Househ, Bakheet Aldosari, Abdullah Alanazi, Andre W Kushniruk, and Elizabeth M Borycki. Big data, big problems: A healthcare perspective. 2017.
- [134] John E Brush Jr, Jonathan Sherbino, and Geoffrey R Norman. How expert clinicians intuitively recognize a medical diagnosis. *The American journal of medicine*, 130(6): 629–634, 2017.
- [135] Engineering National Academies of Sciences, Medicine, et al. *Improving diagnosis in health care*. National Academies Press, 2015.
- [136] Beau Norgeot, Benjamin S Glicksberg, and Atul J Butte. A call for deep-learning healthcare. *Nature medicine*, 25(1):14–15, 2019.
- [137] Liron Pantanowitz. Digital images and the future of digital pathology. *Journal of pathology informatics*, 1, 2010.
- [138] Yun Liu, Timo Kohlberger, Mohammad Norouzi, George E Dahl, Jenny L Smith, Arash Mohtashamian, Niels Olson, Lily H Peng, Jason D Hipp, and Martin C Stumpe. Artificial intelligence–based breast cancer nodal metastasis detection: Insights into the black box for pathologists. *Archives of pathology & laboratory medicine*, 143(7): 859–868, 2019.
- [139] Bilge Karaçali and Aydin Tözeren. Automated detection of regions of interest for tissue microarray experiments: an image texture analysis. *BMC Medical Imaging*, 7 (1):2, 2007.
- [140] Aldo Badano, Craig Revie, Andrew Casertano, Wei-Chung Cheng, Phil Green, Tom Kimpe, Elizabeth Krupinski, Christye Sisson, Stein Skrøvseth, Darren Treanor, et al. Consistency and standardization of color in medical imaging: a consensus report. *Journal of digital imaging*, 28(1):41–52, 2015.
- [141] Lucie Leveque, Hantao Liu, Sabina Baraković, Jasmina Baraković Husić, Maria Martini, Meriem Outtas, Lu Zhang, Asli Kumcu, Ljiljana Platisa, Rafael Rodrigues, et al. On the subjective assessment of the perceived quality of medical images and videos. In *2018 Tenth International Conference on Quality of Multimedia Experience (QoMEX)*, pages 1–6. IEEE, 2018.
- [142] TJWM Janssen and FJJ Blommaert. Image quality semantics. *Journal of imaging science and Technology*, 41(5):555–560, 1997.
- [143] Brian W Keelan. Predicting multivariate image quality from individual perceptual attributes. In *IS AND TS PICS CONFERENCE*, pages 82–87. SOCIETY FOR IMAGING SCIENCE & TECHNOLOGY, 2002.

- [144] Fangfang Zhong, Rui Bi, Baohua Yu, Fei Yang, Wentao Yang, and Ruohong Shui. A comparison of visual assessment and automated digital image analysis of ki67 labeling index in breast cancer. *PloS one*, 11(2):e0150505, 2016.
- [145] Peter G Engeldrum. A theory of image quality: The image quality circle. *Journal of imaging science and technology*, 48(5):447–457, 2004.
- [146] Roger Bourne. *Fundamentals of digital imaging in medicine*. Springer Science & Business Media, 2010.
- [147] Zhou Wang, Alan C Bovik, Hamid R Sheikh, Eero P Simoncelli, et al. Image quality assessment: from error visibility to structural similarity. *IEEE transactions on image processing*, 13(4):600–612, 2004.
- [148] Famke Aeffner, Mark D Zarella, Nathan Buchbinder, Marilyn M Bui, Matthew R Goodman, Douglas J Hartman, Giovanni M Lujan, Mariam A Molani, Anil V Parwani, Kate Lillard, et al. Introduction to digital image analysis in whole-slide imaging: A white paper from the digital pathology association. *Journal of pathology informatics*, 10, 2019.
- [149] Navid Farahani, Anil V Parwani, and Liron Pantanowitz. Whole slide imaging in pathology: advantages, limitations, and emerging perspectives. *Pathol Lab Med Int*, 7: 23–33, 2015.
- [150] Xavier Moles Lopez, Etienne D’Andrea, Paul Barbot, Anne-Sophie Bridoux, Sandrine Rorive, Isabelle Salmon, Olivier Debeir, and Christine Decaestecker. An automated blur detection method for histological whole slide imaging. *PloS one*, 8(12):e82710, 2013.
- [151] Pedram Mohammadi, Abbas Ebrahimi-Moghadam, and Shahram Shirani. Subjective and objective quality assessment of image: A survey. *arXiv preprint arXiv:1406.7799*, 2014.
- [152] Rohit Thanki, Surekha Borra, Nilanjan Dey, and Amira S Ashour. Medical imaging and its objective quality assessment: an introduction. In *Classification in BioApps*, pages 3–32. Springer, 2018.
- [153] Lihuo He, Fei Gao, Weilong Hou, and Lei Hao. Objective image quality assessment: a survey. *International Journal of Computer Mathematics*, 91(11):2374–2388, 2014.
- [154] Yukako Yagi and John R Gilbertson. Digital imaging in pathology: the case for standardization, 2005.
- [155] Elizabeth A Krupinski and Ronald S Weinstein. Changes in visual search patterns of pathology residents as they gain experience. In *Medical Imaging 2011: Image Perception, Observer Performance, and Technology Assessment*, volume 7966, page 79660P. International Society for Optics and Photonics, 2011.
- [156] Ljiljana Platiša, Leen Van Brantegem, Asli Kumcu, Richard Ducatelle, and Wilfried Philips. Influence of study design on digital pathology image quality evaluation: the need to define a clinical task. *Journal of Medical Imaging*, 4(2):021108, 2017.

- [157] Elizabeth A Krupinski, Louis D Silverstein, Syed F Hashmi, Anna R Graham, Ronald S Weinstein, and Hans Roehrig. Observer performance using virtual pathology slides: impact of lcd color reproduction accuracy. *Journal of digital imaging*, 25(6): 738–743, 2012.
- [158] Lucie Lévêque, Wei Zhang, Pamela Parker, and Hantao Liu. The impact of specialty settings on the perceived quality of medical ultrasound video. *IEEE Access*, 5:16998–17005, 2017.
- [159] Rony Ferzli and Lina J Karam. A no-reference objective image sharpness metric based on the notion of just noticeable blur (jnb). *IEEE transactions on image processing*, 18(4):717–728, 2009.
- [160] Weisi Lin and C-C Jay Kuo. Perceptual visual quality metrics: A survey. *Journal of Visual Communication and Image Representation*, 22(4):297–312, 2011.
- [161] Eric Cooper Larson and Damon Michael Chandler. Most apparent distortion: full-reference image quality assessment and the role of strategy. *Journal of Electronic Imaging*, 19(1):011006, 2010.
- [162] Slawomir Walkowski and Janusz Szymas. Quality evaluation of virtual slides using methods based on comparing common image areas. In *Diagnostic pathology*, volume 6, page S14. BioMed Central, 2011.
- [163] Wei Huang and Zhongliang Jing. Evaluation of focus measures in multi-focus image fusion. *Pattern recognition letters*, 28(4):493–500, 2007.
- [164] Noriaki Hashimoto, Pinky A Bautista, Masahiro Yamaguchi, Nagaaki Ohyama, and Yukako Yagi. Referenceless image quality evaluation for whole slide imaging. *Journal of pathology informatics*, 3, 2012.
- [165] Peng Ye and David Doermann. No-reference image quality assessment using visual codebooks. *IEEE Transactions on Image Processing*, 21(7):3129–3138, 2012.
- [166] Kanjar De and V Masilamani. Image sharpness measure for blurred images in frequency domain. *Procedia Engineering*, 64:149–158, 2013.
- [167] Andrew Janowczyk, Ren Zuo, Hannah Gilmore, Michael Feldman, and Anant Madabhushi. Histoqc: An open-source quality control tool for digital pathology slides. *JCO clinical cancer informatics*, 3:1–7, 2019.
- [168] Bernd Lahrmann, Nektarios A Valous, Urs Eisenmann, Nicolas Wentzensen, and Niels Grabe. Semantic focusing allows fully automated single-layer slide scanning of cervical cytology slides. *PloS one*, 8(4):e61441, 2013.
- [169] Prarthana Shrestha and Bas Hulsken. Color accuracy and reproducibility in whole slide imaging scanners. *Journal of Medical Imaging*, 1(2):027501, 2014.
- [170] Mahdi S Hosseini, Yueyang Zhang, Lyndon Chan, Konstantinos N Plataniotis, Jasper AZ Brawley-Hayes, and Savvas Damaskinos. Focus quality assessment of high-throughput whole slide imaging in digital pathology. *arXiv preprint arXiv:1811.06038*, 2018.

- [171] Gabriele Campanella, Arjun R Rajanna, Lorraine Corsale, Peter J Schüffler, Yukako Yagi, and Thomas J Fuchs. Towards machine learned quality control: A benchmark for sharpness quantification in digital pathology. *Computerized Medical Imaging and Graphics*, 65:142–151, 2018.
- [172] Pinky A Bautista, Noriaki Hashimoto, and Yukako Yagi. Color standardization in whole slide imaging using a color calibration slide. *Journal of pathology informatics*, 5, 2014.
- [173] Ajay Nagesh Basavanahally, Shridar Ganesan, Shannon Agner, James Peter Monaco, Michael D Feldman, John E Tomaszewski, Gyan Bhanot, and Anant Madabhushi. Computerized image-based detection and grading of lymphocytic infiltration in her2+ breast cancer histopathology. *IEEE Transactions on biomedical engineering*, 57(3): 642–653, 2009.
- [174] Santanu Roy, Alok kumar Jain, Shyam Lal, and Jyoti Kini. A study about color normalization methods for histopathology images. *Micron*, 2018.
- [175] Abhishek Vahadane, Tingying Peng, Amit Sethi, Shadi Albarqouni, Lichao Wang, Maximilian Baust, Katja Steiger, Anna Melissa Schlitter, Irene Esposito, and Nassir Navab. Structure-preserving color normalization and sparse stain separation for histological images. *IEEE transactions on medical imaging*, 35(8):1962–1971, 2016.
- [176] Sonia Mejbri, Camille Franchet, Ismat Ara Reshma, Josiane Mothe, Pierre Brousset, and Emmanuel Faure. Deep analysis of cnn settings for new cancer whole-slide histological images segmentation: the case of small training sets. In *6th International conference on BioImaging (BIOIMAGING 2019)*, pages 120–128, 2019.
- [177] Andre Esteva, Alexandre Robicquet, Bharath Ramsundar, Volodymyr Kuleshov, Mark DePristo, Katherine Chou, Claire Cui, Greg Corrado, Sebastian Thrun, and Jeff Dean. A guide to deep learning in healthcare. *Nature medicine*, 25(1):24, 2019.
- [178] Babak Ehteshami Bejnordi, Maeve Mullooly, Ruth M Pfeiffer, Shaoqi Fan, Pamela M Vacek, Donald L Weaver, Sally Herschorn, Louise A Brinton, Bram van Ginneken, Nico Karssemeijer, et al. Using deep convolutional neural networks to identify and classify tumor-associated stroma in diagnostic breast biopsies. *Modern Pathology*, 31(10):1502, 2018.
- [179] Jose G Moreno-Torres, Troy Raeder, Rocío Alaiz-Rodríguez, Nitesh V Chawla, and Francisco Herrera. A unifying view on dataset shift in classification. *Pattern Recognition*, 45(1):521–530, 2012.
- [180] Alessandro Bianchi, Moreno Raimondo Vendra, Pavlos Protopapas, and Marco Brambilla. Improving image classification robustness through selective cnn-filters fine-tuning. *arXiv preprint arXiv:1904.03949*, 2019.
- [181] John Wright, Allen Y Yang, Arvind Ganesh, S Shankar Sastry, and Yi Ma. Robust face recognition via sparse representation. *IEEE transactions on pattern analysis and machine intelligence*, 31(2):210–227, 2008.
- [182] Ian J Goodfellow, Jonathon Shlens, and Christian Szegedy. Explaining and harnessing adversarial examples. *arXiv preprint arXiv:1412.6572*, 2014.

- [183] Igor Vasiljevic, Ayan Chakrabarti, and Gregory Shakhnarovich. Examining the impact of blur on recognition by convolutional networks. *arXiv preprint arXiv:1611.05760*, 2016.
- [184] Klemen Grm, Vitomir Štruc, Anais Artiges, Matthieu Caron, and Hazım K Ekenel. Strengths and weaknesses of deep learning models for face recognition against image degradations. *Iet Biometrics*, 7(1):81–89, 2017.
- [185] Gabriel B Paranhos da Costa, Welinton A Contato, Tiago S Nazare, João ES Neto, and Moacir Ponti. An empirical study on the effects of different types of noise in image classification tasks. *arXiv preprint arXiv:1609.02781*, 2016.
- [186] Lina J Karam and Tong Zhu. Quality labeled faces in the wild (qlfw): a database for studying face recognition in real-world environments. In *Human Vision and Electronic Imaging XX*, volume 9394, page 93940B. International Society for Optics and Photonics, 2015.
- [187] JianWen Tao, Wenjun Hu, and Shiting Wen. Multi-source adaptation joint kernel sparse representation for visual classification. *Neural Networks*, 76:135–151, 2016.
- [188] Samuel Dodge and Lina Karam. Understanding how image quality affects deep neural networks. In *2016 eighth international conference on quality of multimedia experience (QoMEX)*, pages 1–6. IEEE, 2016.
- [189] Jonghwa Yim and Kyung-Ah Sohn. Enhancing the performance of convolutional neural networks on quality degraded datasets. In *2017 International Conference on Digital Image Computing: Techniques and Applications (DICTA)*, pages 1–8. IEEE, 2017.
- [190] Stephan Zheng, Yang Song, Thomas Leung, and Ian Goodfellow. Improving the robustness of deep neural networks via stability training. In *Proceedings of the IEEE conference on computer vision and pattern recognition*, pages 4480–4488, 2016.
- [191] Tejas Borkar and Lina Karam. Deepcorrect: Correcting dnn models against image distortions. *arXiv preprint arXiv:1705.02406*, 2017.
- [192] Vibhu Agarwal, Tanya Podchiyska, Juan M Banda, Veena Goel, Tiffany I Leung, Evan P Minty, Timothy E Sweeney, Elsie Gyang, and Nigam H Shah. Learning statistical models of phenotypes using noisy labeled training data. *Journal of the American Medical Informatics Association*, 23(6):1166–1173, 2016.
- [193] Yoni Halpern, Steven Horng, Youngduck Choi, and David Sontag. Electronic medical record phenotyping using the anchor and learn framework. *Journal of the American Medical Informatics Association*, 23(4):731–740, 2016.
- [194] Juan M Banda, Yoni Halpern, David Sontag, and Nigam H Shah. Electronic phenotyping with aphrodite and the observational health sciences and informatics (ohdsi) data network. *AMIA Summits on Translational Science Proceedings*, 2017:48, 2017.

- [195] Katherine M Newton, Peggy L Peissig, Abel Ngo Kho, Suzette J Bielinski, Richard L Berg, Vidhu Choudhary, Melissa Basford, Christopher G Chute, Iftikhar J Kullo, Rongling Li, et al. Validation of electronic medical record-based phenotyping algorithms: results and lessons learned from the emerge network. *Journal of the American Medical Informatics Association*, 20(e1):e147–e154, 2013.
- [196] David Rolnick, Andreas Veit, Serge Belongie, and Nir Shavit. Deep learning is robust to massive label noise. *arXiv preprint arXiv:1705.10694*, 2017.
- [197] Alex J Hughes, Joseph D Mornin, Sujoy K Biswas, Lauren E Beck, David P Bauer, Arjun Raj, Simone Bianco, and Zev J Gartner. Quanti. us: a tool for rapid, flexible, crowd-based annotation of images. *Nature methods*, 15(8):587, 2018.
- [198] Jonathan Long, Evan Shelhamer, and Trevor Darrell. Fully convolutional networks for semantic segmentation. In *Proceedings of the IEEE conference on computer vision and pattern recognition*, pages 3431–3440, 2015.
- [199] Nima Tajbakhsh, Jae Y Shin, Suryakanth R Gurudu, R Todd Hurst, Christopher B Kendall, Michael B Gotway, and Jianming Liang. Convolutional neural networks for medical image analysis: Full training or fine tuning? *IEEE transactions on medical imaging*, 35(5):1299–1312, 2016.
- [200] Marios Anthimopoulos, Stergios Christodoulidis, Lukas Ebner, Andreas Christe, and Stavroula Mouggiakakou. Lung pattern classification for interstitial lung diseases using a deep convolutional neural network. *IEEE transactions on medical imaging*, 35(5):1207–1216, 2016.
- [201] Lequan Yu, Hao Chen, Qi Dou, Jing Qin, and Pheng-Ann Heng. Automated melanoma recognition in dermoscopy images via very deep residual networks. *IEEE transactions on medical imaging*, 36(4):994–1004, 2016.
- [202] Nudrat Nida, Aun Irtaza, Ali Javed, Muhammad Haroon Yousaf, and Muhammad Tariq Mahmood. Melanoma lesion detection and segmentation using deep region based convolutional neural network and fuzzy c-means clustering. *International journal of medical informatics*, 124:37–48, 2019.
- [203] Xiang He, Sibe Yang, Haofeng Li, Huiyou Chang, Yizhou Yu, et al. Non-local context encoder: Robust biomedical image segmentation against adversarial attacks. *arXiv preprint arXiv:1904.12181*, 2019.
- [204] Konstantinos Kamnitsas, Wenjia Bai, Enzo Ferrante, Steven McDonagh, Matthew Sinclair, Nick Pawlowski, Martin Rajchl, Matthew Lee, Bernhard Kainz, Daniel Rueckert, et al. Ensembles of multiple models and architectures for robust brain tumour segmentation. In *International MICCAI Brainlesion Workshop*, pages 450–462. Springer, 2017.
- [205] Md Mostafa Kamal Sarker, Hatem A Rashwan, Farhan Akram, Syeda Furraka Banu, Adel Saleh, Vivek Kumar Singh, Forhad UH Chowdhury, Saddam Abdulwahab, Santiago Romani, Petia Radeva, et al. Slsdeep: Skin lesion segmentation based on dilated residual and pyramid pooling networks. In *International Conference on Medical Image Computing and Computer-Assisted Intervention*, pages 21–29. Springer, 2018.

- [206] Xiaoqing Zhang. Melanoma segmentation based on deep learning. *Computer Assisted Surgery*, 22(sup1):267–277, 2017.
- [207] Thomas Schlegl, Sebastian M Waldstein, Wolf-Dieter Vogl, Ursula Schmidt-Erfurth, and Georg Langs. Predicting semantic descriptions from medical images with convolutional neural networks. In *International Conference on Information Processing in Medical Imaging*, pages 437–448. Springer, 2015.
- [208] Zhi-Hua Zhou. A brief introduction to weakly supervised learning. *National Science Review*, 5(1):44–53, 2018.
- [209] Avrim Blum, Adam Kalai, and Hal Wasserman. Noise-tolerant learning, the parity problem, and the statistical query model. *Journal of the ACM (JACM)*, 50(4):506–519, 2003.
- [210] Benoît Frénay and Michel Verleysen. Classification in the presence of label noise: a survey. *IEEE transactions on neural networks and learning systems*, 25(5):845–869, 2013.
- [211] Wei Gao, Lu Wang, Zhi-Hua Zhou, et al. Risk minimization in the presence of label noise. In *Thirtieth AAAI Conference on Artificial Intelligence*, 2016.
- [212] Grant Van Horn, Steve Branson, Ryan Farrell, Scott Haber, Jessie Barry, Panos Ipeirotis, Pietro Perona, and Serge Belongie. Building a bird recognition app and large scale dataset with citizen scientists: The fine print in fine-grained dataset collection. In *Proceedings of the IEEE Conference on Computer Vision and Pattern Recognition*, pages 595–604, 2015.
- [213] Carla E Brodley and Mark A Friedl. Identifying mislabeled training data. *Journal of artificial intelligence research*, 11:131–167, 1999.
- [214] Andreas Veit, Neil Alldrin, Gal Chechik, Ivan Krasin, Abhinav Gupta, and Serge Belongie. Learning from noisy large-scale datasets with minimal supervision. In *Proceedings of the IEEE Conference on Computer Vision and Pattern Recognition*, pages 839–847, 2017.
- [215] Daren C Brabham. Crowdsourcing as a model for problem solving: An introduction and cases. *Convergence*, 14(1):75–90, 2008.
- [216] Ruth Urner, Shai Ben David, and Ohad Shamir. Learning from weak teachers. In *Artificial intelligence and statistics*, pages 1252–1260, 2012.
- [217] Long Tran-Thanh, Matteo Venanzi, Alex Rogers, and Nicholas R Jennings. Efficient budget allocation with accuracy guarantees for crowdsourcing classification tasks. In *Proceedings of the 2013 international conference on Autonomous agents and multi-agent systems*, pages 901–908. International Foundation for Autonomous Agents and Multiagent Systems, 2013.
- [218] Lu Wang and Zhi-Hua Zhou. Cost-saving effect of crowdsourcing learning. In *IJCAI*, pages 2111–2117, 2016.

- [219] Jinhong Zhong, Ke Tang, and Zhi-Hua Zhou. Active learning from crowds with unsure option. In *Twenty-Fourth International Joint Conference on Artificial Intelligence*, 2015.
- [220] Nihar Bhadrish Shah and Dengyong Zhou. Double or nothing: Multiplicative incentive mechanisms for crowdsourcing. In *Advances in neural information processing systems*, pages 1–9, 2015.
- [221] Lay-Khoon Lee and Siau-Chuin Liew. A survey of medical image processing tools. In *2015 4th International Conference on Software Engineering and Computer Systems (ICSECS)*, pages 171–176. IEEE, 2015.
- [222] Marlen Perez-Diaz, Ruben Orozco-Morales, Eduardo Suarez-Aday, and Rosana Pirchio. Computer-aided detection systems for digital mammography. In *Latin American Conference on Biomedical Engineering*, pages 265–271. Springer, 2019.
- [223] Ervin A Tasnadi, Timea Toth, Maria Kovacs, Akos Diosdi, Francesco Pampaloni, Jozsef Molnar, Filippo Piccinini, and Peter Horvath. 3d-cell-annotator: an open-source active surface tool for single cell segmentation in 3d microscopy images. *bioRxiv*, page 677294, 2019.
- [224] Olaf Ronneberger, Philipp Fischer, and Thomas Brox. U-net: Convolutional networks for biomedical image segmentation. In *International Conference on Medical image computing and computer-assisted intervention*, pages 234–241. Springer, 2015.
- [225] Alex Krizhevsky, Ilya Sutskever, and Geoffrey E Hinton. Imagenet classification with deep convolutional neural networks. In *Advances in neural information processing systems*, pages 1097–1105, 2012.
- [226] Hiroshi Inoue. Data augmentation by pairing samples for images classification. *arXiv preprint arXiv:1801.02929*, 2018.
- [227] Christian Szegedy, Wei Liu, Yangqing Jia, Pierre Sermanet, Scott Reed, Dragomir Anguelov, Dumitru Erhan, Vincent Vanhoucke, and Andrew Rabinovich. Going deeper with convolutions. In *Proceedings of the IEEE conference on computer vision and pattern recognition*, pages 1–9, 2015.
- [228] Thien M Ha and Horst Bunke. Off-line, handwritten numeral recognition by perturbation method. *IEEE Transactions on Pattern Analysis and Machine Intelligence*, 19(5): 535–539, 1997.
- [229] Nitesh V Chawla, Kevin W Bowyer, Lawrence O Hall, and W Philip Kegelmeyer. Smote: synthetic minority over-sampling technique. *Journal of artificial intelligence research*, 16:321–357, 2002.
- [230] Luis Perez and Jason Wang. The effectiveness of data augmentation in image classification using deep learning. *arXiv preprint arXiv:1712.04621*, 2017.
- [231] Hongyi Zhang, Moustapha Cisse, Yann N Dauphin, and David Lopez-Paz. mixup: Beyond empirical risk minimization. *arXiv preprint arXiv:1710.09412*, 2017.

- [232] Ian Goodfellow, Jean Pouget-Abadie, Mehdi Mirza, Bing Xu, David Warde-Farley, Sherjil Ozair, Aaron Courville, and Yoshua Bengio. Generative adversarial nets. In *Advances in neural information processing systems*, pages 2672–2680, 2014.
- [233] Ekin D Cubuk, Barret Zoph, Dandelion Mane, Vijay Vasudevan, and Quoc V Le. Autoaugment: Learning augmentation strategies from data. In *Proceedings of the IEEE Conference on Computer Vision and Pattern Recognition*, pages 113–123, 2019.
- [234] Matthieu Guillaumin, Jakob Verbeek, and Cordelia Schmid. Multimodal semi-supervised learning for image classification. In *2010 IEEE Computer society conference on computer vision and pattern recognition*, pages 902–909. IEEE, 2010.
- [235] Avrim Blum and Tom Mitchell. Combining labeled and unlabeled data with co-training. In *Proceedings of the eleventh annual conference on Computational learning theory*, pages 92–100. ACM, 1998.
- [236] Burr Settles. Active learning literature survey. Technical report, University of Wisconsin-Madison Department of Computer Sciences, 2009.
- [237] Sheng-Jun Huang, Rong Jin, and Zhi-Hua Zhou. Active learning by querying informative and representative examples. In *Advances in neural information processing systems*, pages 892–900, 2010.
- [238] Sanjoy Dasgupta and Daniel Hsu. Hierarchical sampling for active learning. In *Proceedings of the 25th international conference on Machine learning*, pages 208–215. ACM, 2008.
- [239] Zheng Wang and Jieping Ye. Querying discriminative and representative samples for batch mode active learning. *ACM Transactions on Knowledge Discovery from Data (TKDD)*, 9(3):17, 2015.
- [240] Hai-Shan Wu, Joseph Barba, and Joan Gil. A parametric fitting algorithm for segmentation of cell images. *IEEE Transactions on Biomedical Engineering*, 45(3):400–407, 1998.
- [241] Pascal Bamford and Brian Lovell. Unsupervised cell nucleus segmentation with active contours. *Signal processing*, 71(2):203–213, 1998.
- [242] Negar M Harandi, Saeed Sadri, Noushin A Moghaddam, and Rassul Amirfattahi. An automated method for segmentation of epithelial cervical cells in images of thinprep. *Journal of medical systems*, 34(6):1043–1058, 2010.
- [243] Shys-Fan Yang-Mao, Yung-Kuan Chan, and Yen-Ping Chu. Edge enhancement nucleus and cytoplasm contour detector of cervical smear images. *IEEE Transactions on Systems, Man, and Cybernetics, Part B (Cybernetics)*, 38(2):353–366, 2008.
- [244] A Bouzid-Daho, M Boughazi, and B Senouci. Multispectral images segmentation for biomedical applications diagnosis: K-means oriented approach. In *2017 2nd International Conference on Bio-engineering for Smart Technologies (BioSMART)*, pages 1–5. IEEE, 2017.

- [245] Sinno Jialin Pan and Qiang Yang. A survey on transfer learning. *IEEE Transactions on knowledge and data engineering*, 22(10):1345–1359, 2009.
- [246] Qinghua Hu, Rujia Zhang, and Yucan Zhou. Transfer learning for short-term wind speed prediction with deep neural networks. *Renewable Energy*, 85:83–95, 2016.
- [247] Jason Yosinski, Jeff Clune, Yoshua Bengio, and Hod Lipson. How transferable are features in deep neural networks? In *Advances in neural information processing systems*, pages 3320–3328, 2014.
- [248] Neslihan Bayramoglu and Janne Heikkilä. Transfer learning for cell nuclei classification in histopathology images. In *European Conference on Computer Vision*, pages 532–539. Springer, 2016.
- [249] Hoo-Chang Shin, Holger R Roth, Mingchen Gao, Le Lu, Ziyue Xu, Isabella Noguees, Jianhua Yao, Daniel Mollura, and Ronald M Summers. Deep convolutional neural networks for computer-aided detection: Cnn architectures, dataset characteristics and transfer learning. *IEEE transactions on medical imaging*, 35(5):1285–1298, 2016.
- [250] Yaniv Bar, Idit Diamant, Lior Wolf, and Hayit Greenspan. Deep learning with non-medical training used for chest pathology identification. In *Medical Imaging 2015: Computer-Aided Diagnosis*, volume 9414, page 94140V. International Society for Optics and Photonics, 2015.
- [251] Andrew G Howard, Menglong Zhu, Bo Chen, Dmitry Kalenichenko, Weijun Wang, Tobias Weyand, Marco Andreetto, and Hartwig Adam. Mobilenets: Efficient convolutional neural networks for mobile vision applications. *arXiv preprint arXiv:1704.04861*, 2017.
- [252] Alec Radford, Luke Metz, and Soumith Chintala. Unsupervised representation learning with deep convolutional generative adversarial networks. *arXiv preprint arXiv:1511.06434*, 2015.
- [253] Maayan Frid-Adar, Idit Diamant, Eyal Klang, Michal Amitai, Jacob Goldberger, and Hayit Greenspan. Gan-based synthetic medical image augmentation for increased cnn performance in liver lesion classification. *Neurocomputing*, 321:321–331, 2018.
- [254] Augustus Odena. Semi-supervised learning with generative adversarial networks. *arXiv preprint arXiv:1606.01583*, 2016.
- [255] Tim Salimans, Ian Goodfellow, Wojciech Zaremba, Vicki Cheung, Alec Radford, and Xi Chen. Improved techniques for training gans. In *Advances in neural information processing systems*, pages 2234–2242, 2016.
- [256] Carl Vondrick, Hamed Pirsiavash, and Antonio Torralba. Generating videos with scene dynamics. In *Advances In Neural Information Processing Systems*, pages 613–621, 2016.
- [257] Unaiza Ahsan, Chen Sun, and Irfan Essa. Discrimnet: Semi-supervised action recognition from videos using generative adversarial networks. *arXiv preprint arXiv:1801.07230*, 2018.

- [258] Moran Rubin, Omer Stein, Nir A Turko, Yoav Nygate, Darina Roitshtain, Lidor Karako, Itay Barnea, Raja Giryes, and Natan T Shaked. Top-gan: Label-free cancer cell classification using deep learning with a small training set. *arXiv preprint arXiv:1812.11006*, 2018.
- [259] BW Stewart and CP Wild. World cancer report 2014, online-ausg. ebl-schweitzer. international agency for research on cancer. *World Health Organization, Lyon*, 2014.
- [260] Ahmedin Jemal, Rebecca Siegel, Elizabeth Ward, Yongping Hao, Jiaquan Xu, and Michael J Thun. Cancer statistics, 2009. *CA: a cancer journal for clinicians*, 59(4): 225–249, 2009.
- [261] M Khalid Khan Niazi, Martha M Yearsley, Xiaoping Zhou, Wendy L Frankel, and Metin N Gurcan. Perceptual clustering for automatic hotspot detection from ki-67-stained neuroendocrine tumour images. *Journal of microscopy*, 256(3):213–225, 2014.
- [262] Thomas Scholzen and Johannes Gerdes. The ki-67 protein: from the known and the unknown. *Journal of cellular physiology*, 182(3):311–322, 2000.
- [263] Xavier Moles Lopez, Olivier Debeir, Calliope Maris, Sandrine Rorive, Isabelle Roland, Marco Saerens, Isabelle Salmon, and Christine Decaestecker. Clustering methods applied in the detection of ki67 hot-spots in whole tumor slide images: An efficient way to characterize heterogeneous tissue-based biomarkers. *Cytometry Part A*, 81(9): 765–775, 2012.
- [264] Farzad Ghaznavi, Andrew Evans, Anant Madabhushi, and Michael Feldman. Digital imaging in pathology: whole-slide imaging and beyond. *Annual Review of Pathology: Mechanisms of Disease*, 8:331–359, 2013.
- [265] R Zemouri, N Omri, B Morello, C Devalland, L Arnould, N Zerhouni, and F Fnaiech. Constructive deep neural network for breast cancer diagnosis. *IFAC-PapersOnLine*, 51(27):98–103, 2018.
- [266] J Zuluaga-Gomez, N Zerhouni, Z Al Masry, C Devalland, and C Varnier. A survey of breast cancer screening techniques: thermography and electrical impedance tomography. *Journal of medical engineering & technology*, pages 1–18, 2019.
- [267] Jian Ma, Pengchao Shang, Chen Lu, Safa Meraghni, Khaled Benaggoune, Juan Zuluaga, Nouredine Zerhouni, Christine Devalland, and Zeina Al Masry. A portable breast cancer detection system based on smartphone with infrared camera. *Vibroengineering PROCEDIA*, 26:57–63, 2019.
- [268] Mustapha Abubakar, William J Howat, Frances Daley, Lila Zabaglo, Leigh-Anne McDuffus, Fiona Blows, Penny Coulson, H Raza Ali, Javier Benitez, Roger Milne, et al. High-throughput automated scoring of ki67 in breast cancer tissue microarrays from the breast cancer association consortium. *The Journal of Pathology: Clinical Research*, 2(3):138–153, 2016.

- [269] Jennet Harvey, Carla Thomas, Ben Wood, Mireille Hardie, Ben Dessauvagie, Marais Combrinck, Felicity A Frost, and Greg Sterrett. Practical issues concerning the implementation of ki-67 proliferative index measurement in breast cancer reporting. *Pathology*, 47(1):13–20, 2015.
- [270] Einar Gudlaugsson, Ivar Skaland, Emiel AM Janssen, Rune Smaaland, Zhiming Shao, Anais Malpica, Feja Voorhorst, and Jan PA Baak. Comparison of the effect of different techniques for measurement of ki67 proliferation on reproducibility and prognosis prediction accuracy in breast cancer. *Histopathology*, 61(6):1134–1144, 2012.
- [271] Atif Ali Hashmi, Kashif Ali Hashmi, Muhammad Irfan, Saadia Mehmood Khan, Muhammad Muzzammil Edhi, Javaria Parwez Ali, Shumaila Kanwal Hashmi, Huda Asif, Naveen Faridi, and Amir Khan. Ki67 index in intrinsic breast cancer subtypes and its association with prognostic parameters. *BMC research notes*, 12(1):1–5, 2019.
- [272] Shujian Deng, Xin Zhang, Wen Yan, I Eric, Chao Chang, Yubo Fan, Maode Lai, and Yan Xu. Deep learning in digital pathology image analysis: A survey. *Frontiers of medicine*, pages 1–18, 2020.
- [273] Muhammad Imran Razzak, Saeeda Naz, and Ahmad Zaib. Deep learning for medical image processing: Overview, challenges and the future. *Classification in BioApps*, pages 323–350, 2018.
- [274] Daisuke Komura and Shumpei Ishikawa. Machine learning methods for histopathological image analysis. *Computational and structural biotechnology journal*, 16:34–42, 2018.
- [275] Vijay Badrinarayanan, Alex Kendall, and Roberto Cipolla. Segnet: A deep convolutional encoder-decoder architecture for image segmentation. *IEEE transactions on pattern analysis and machine intelligence*, 39(12):2481–2495, 2017.
- [276] Abhishek Chaurasia and Eugenio Culurciello. Linknet: Exploiting encoder representations for efficient semantic segmentation. In *2017 IEEE Visual Communications and Image Processing (VCIP)*, pages 1–4. IEEE, 2017.
- [277] Simon Jégou, Michal Drozdal, David Vazquez, Adriana Romero, and Yoshua Bengio. The one hundred layers tiramisu: Fully convolutional densenets for semantic segmentation. In *Proceedings of the IEEE Conference on Computer Vision and Pattern Recognition Workshops*, pages 11–19, 2017.
- [278] Hengshuang Zhao, Jianping Shi, Xiaojuan Qi, Xiaogang Wang, and Jiaya Jia. Pyramid scene parsing network. In *Proceedings of the IEEE conference on computer vision and pattern recognition*, pages 2881–2890, 2017.
- [279] Erick Moen, Dylan Bannon, Takamasa Kudo, William Graf, Markus Covert, and David Van Valen. Deep learning for cellular image analysis. *Nature methods*, page 1, 2019.
- [280] Humayun Irshad, Antoine Veillard, Ludovic Roux, and Daniel Racoceanu. Methods for nuclei detection, segmentation, and classification in digital histopathology: a review—current status and future potential. *IEEE reviews in biomedical engineering*, 7:97–114, 2013.

- [281] Po-Whei Huang and Yan-Hao Lai. Effective segmentation and classification for hcc biopsy images. *Pattern Recognition*, 43(4):1550–1563, 2010.
- [282] Peng Shi, Jing Zhong, Jinsheng Hong, Rongfang Huang, Kaijun Wang, and Yunbin Chen. Automated ki-67 quantification of immunohistochemical staining image of human nasopharyngeal carcinoma xenografts. *Scientific reports*, 6:32127, 2016.
- [283] Humayun Irshad, Ludovic Roux, and Daniel Racoceanu. Multi-channels statistical and morphological features based mitosis detection in breast cancer histopathology. In *2013 35th Annual International Conference of the IEEE Engineering in Medicine and Biology Society (EMBC)*, pages 6091–6094. IEEE, 2013.
- [284] Monjoy Saha, Chandan Chakraborty, Indu Arun, Rosina Ahmed, and Sanjoy Chatterjee. An advanced deep learning approach for ki-67 stained hotspot detection and proliferation rate scoring for prognostic evaluation of breast cancer. *Scientific reports*, 7(1):3213, 2017.
- [285] Priya Lakshmi Narayanan, Shan E Ahmed Raza, Andrew Dodson, Barry Gusterson, Mitchell Dowsett, and Yinyin Yuan. Deepscds: Dissecting cancer proliferation heterogeneity in ki67 digital whole slide images. *arXiv preprint arXiv:1806.10850*, 2018.
- [286] Joseph Howse. *OpenCV computer vision with python*. Packt Publishing Ltd, 2013.
- [287] E. Khvedchenya V. I. Iglovikov A. Buslaev, A. Parinov and A. A. Kalinin. Albumentations: fast and flexible image augmentations. *ArXiv e-prints*, 2018.
- [288] Can Fahrettin Koyuncu, Ece Akhan, Tulin Ersahin, Rengul Cetin-Atalay, and Cigdem Gunduz-Demir. Iterative h-minima-based marker-controlled watershed for cell nucleus segmentation. *Cytometry Part A*, 89(4):338–349, 2016.
- [289] Jerome H Friedman. Stochastic gradient boosting. *Computational statistics & data analysis*, 38(4):367–378, 2002.
- [290] A Sri Nagesh, Dr GPS Varma, and Dr A Govardhan. An improved iterative watershed and morphological transformation techniques for segmentation of microarray images.
- [291] Marek Kowal, Michał Żejmo, Marcin Skobel, Józef Korbicz, and Roman Monczak. Cell nuclei segmentation in cytological images using convolutional neural network and seeded watershed algorithm. *Journal of digital imaging*, 33(1):231–242, 2020.
- [292] Neslihan Bayramoglu, Juho Kannala, and Janne Heikkilä. Deep learning for magnification independent breast cancer histopathology image classification. In *2016 23rd International conference on pattern recognition (ICPR)*, pages 2440–2445. IEEE, 2016.
- [293] Yoshua Bengio, Aaron Courville, and Pascal Vincent. Representation learning: A review and new perspectives. *IEEE transactions on pattern analysis and machine intelligence*, 35(8):1798–1828, 2013.
- [294] Leo Breiman. Random forests. *Machine learning*, 45(1):5–32, 2001.

- [295] Karan Gupta and Nidhi Chawla. Analysis of histopathological images for prediction of breast cancer using traditional classifiers with pre-trained cnn. *Procedia Computer Science*, 167:878–889, 2020.
- [296] Douglas Hanahan and Robert A Weinberg. Hallmarks of cancer: the next generation. *cell*, 144(5):646–674, 2011.
- [297] Quoc Dang Vu, Simon Graham, Tahsin Kurc, Minh Nguyen Nhat To, Muhammad Shaban, Talha Qaiser, Navid Alemi Koohbanani, Syed Ali Khurram, Jayashree Kalpathy-Cramer, Tianhao Zhao, et al. Methods for segmentation and classification of digital microscopy tissue images. *Frontiers in bioengineering and biotechnology*, 7, 2019.
- [298] Alexander Kirillov, Kaiming He, Ross Girshick, Carsten Rother, and Piotr Dollár. Panoptic segmentation. In *Proceedings of the IEEE Conference on Computer Vision and Pattern Recognition*, pages 9404–9413, 2019.
- [299] Simon Graham, Quoc Dang Vu, Shan E Ahmed Raza, Ayesha Azam, Yee Wah Tsang, Jin Tae Kwak, and Nasir Rajpoot. Hover-net: Simultaneous segmentation and classification of nuclei in multi-tissue histology images. *Medical Image Analysis*, 58: 101563, 2019.
- [300] Cornelis J Van Rijsbergen. A non-classical logic for information retrieval. *The computer journal*, 29(6):481–485, 1986.
- [301] David R Martin, Charless C Fowlkes, and Jitendra Malik. Learning to detect natural image boundaries using local brightness, color, and texture cues. *IEEE Transactions on Pattern Analysis & Machine Intelligence*, (5):530–549, 2004.
- [302] Rokshana Stephny Geread, Peter Morreale, Robert D Dony, Emily Brouwer, Geoffrey A Wood, Dimitrios Androustos, and April Khademi. Ihc colour histograms for unsupervised ki67 proliferation index calculation. *Frontiers in bioengineering and biotechnology*, 7:226, 2019.
- [303] Jie Hu, Li Shen, and Gang Sun. Squeeze-and-excitation networks. In *Proceedings of the IEEE conference on computer vision and pattern recognition*, pages 7132–7141, 2018.

Annexe

Segmentation

Une explication détaillé de l'algorithme de segmentation de base utilisée dans la section 6.4

1- Modèle de segmentation Unet

L'architecture du réseau est illustrée dans la figure 1. Elle se compose d'un chemin de contraction (côté gauche) et d'un chemin d'expansion (côté droit). Le chemin de contraction suit l'architecture typique d'un réseau convolutif. Il consiste en l'application répétée de deux convolutions 3x3 (convolutions non ajoutées), chacune suivie par une unité linéaire rectifiée (ReLU) et une opération de regroupement 2x2 maximum avec une avancée de 2 pour le downsampling. À chaque étape de down-sampling, nous doublons le nombre de canaux de caractéristiques. Chaque étape du trajet d'expansion consiste en un suréchantillonnage de la carte des caractéristiques, suivi d'une convolution 2x2 ("up-convolution") qui divise par deux le nombre de canaux de caractéristiques, d'une concaténation avec les caractéristiques coupées correspondantes du trajet de contraction, et de deux convolutions 3x3, chacune suivie d'une ReLU. Le recadrage est nécessaire en raison de la perte des pixels de bordure dans chaque convolution. Dans la couche finale, une convolution 1x1 est utilisée pour cartographier chaque vecteur d'éléments à 64 composantes en fonction du nombre de classes souhaité. Au total, le réseau comporte 23 couches convolutionnelles. Pour permettre un découpage continu de la carte de segmentation de sortie, il est important de sélectionner la taille de la tuile d'entrée de manière à ce que toutes les opérations de regroupement 2x2 maximum soient appliquées à une couche de taille égale en x et en y.

Les images d'entrée et les cartes de segmentation correspondantes sont utilisées pour tracer le réseau avec l'implémentation stochastique de la descente de gradient. La fonction d'énergie est calculée par un soft-max pixel par pixel sur la carte finale des caractéristiques, combiné avec la fonction de perte d'entropie croisée. La soft-max est définie comme suit:

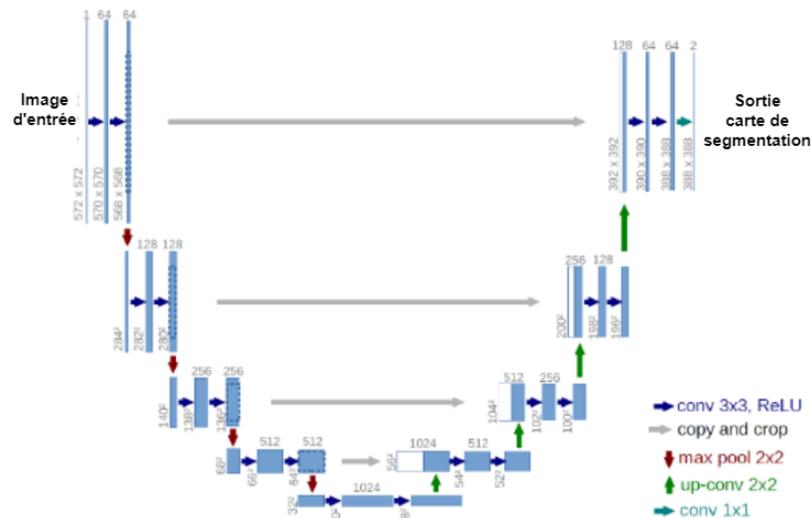


Fig. 16 Structure de l'algorithme Unet Ronneberger et al. [224]

$$p_k(x) = \exp(a_k(x)) / \sum_{k'=1}^k \exp(a_{k'}(x)) \quad (7)$$

où $a_k(x)$ désigne l'activation dans le canal de caractéristique k à la position du pixel $x \in \omega$ avec $\omega \subset \mathbb{Z}^2$. k est le nombre de classes et $p_k(x)$ est la fonction maximale approximative. C'est-à-dire $p_k(x) \approx 1$ pour le k qui a l'activation maximale $a_k(x)$ et $p_k(x) \approx 0$ pour tous les autres k .

2- La structure Squeeze-Excitation

Nous avons utilisé cette structure dans la première partie de Unet pour aider à extraire des caractéristiques pertinentes (Section 6.4). La structure de l'élément de construction Squeeze Excitation (SE) est illustrée à la figure 1. Pour toute transformation F tr donnée, qui met en correspondance l'entrée X avec les cartes des caractéristiques U où $U \in R^{H \cdot W \cdot C}$, par exemple une convolution, nous pouvons construire un bloc SE correspondant pour effectuer le recalibrage des caractéristiques. Les caractéristiques U sont d'abord passées par une opération de compression, qui produit un descripteur de canal en agrégeant les cartes de caractéristiques sur leurs dimensions spatiales ($H \cdot W$). La fonction de ce descripteur est de produire un encastrement de la distribution globale des réponses des caractéristiques dans le canal, permettant aux informations du champ de réception global du réseau d'être utilisées par toutes ses couches. L'agrégation est suivie d'une opération d'excitation, qui prend la forme d'un simple mécanisme d'auto-clôture qui prend l'intégration comme entrée et produit

une collection de poids de modulation par canal. Ces poids sont appliqués aux cartes de caractéristiques U afin de générer la sortie du bloc SE qui peut être alimenté directement dans les couches suivantes du réseau.

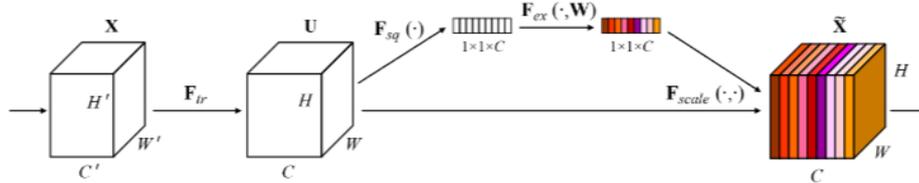


Fig. 17 La structure d'un noyau de Squeeze Excitation Hu et al. [303]

Classification par Resnet

Nous avons utilisé un réseau de neurone convolutif profond pour identifier la classe des noyaux (Section ??) Dans le réseau convolutifs plus profond, les couches supplémentaires se rapprochent davantage de la cartographie que sa contrepartie moins profonde et réduisent l'erreur de façon significative. Par contre, lorsque les réseaux plus profonds commencent à converger, un problème de dégradation a été mis en évidence : avec l'augmentation de la profondeur du réseau, la précision est saturée puis se dégrade rapidement.

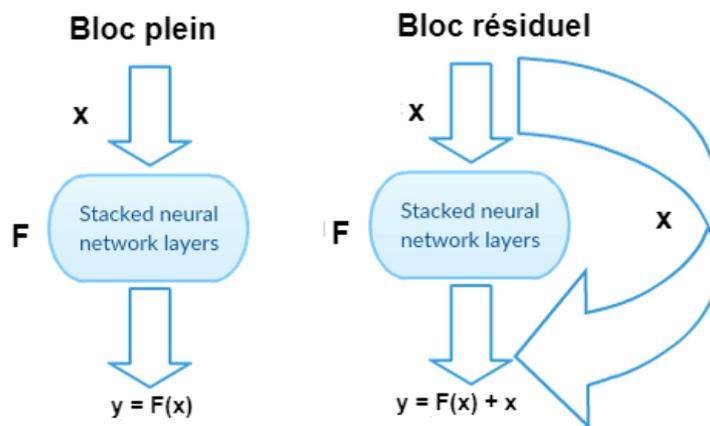


Fig. 18 Le bloc résiduel He et al. [116]

Au lieu d'apprendre une cartographie directe de $x \rightarrow y$ avec une fonction $H(x)$ (Quelques couches non linéaires empilées). Une fonction résiduelle est définie en utilisant $F(x) = H(x) - x$, qui peut être recadrée en $H(x) = F(x) + x$, où $F(x)$ et x représentent respectivement les couches non linéaires empilées et la fonction d'identité (entrée=sortie). Si la cartographie

d'identité est optimale, nous pouvons facilement pousser les résidus à zéro ($F(x) = 0$) que de faire correspondre une cartographie d'identité (x , entrée=sortie) par une pile de couches non linéaires. En langage simple, il est très facile de trouver une solution comme $F(x) = 0$ plutôt que $F(x) = x$ en utilisant un stack de couches CNN non linéaires comme fonction. Ainsi, cette fonction $F(x)$ est appelée la fonction résiduelle.

