

République Algérienne Démocratique et Populaire
Ministère de l'Enseignement supérieur et de la Recherche Scientifique
Université M.SEDDIK BEN YAHIA.JIJEL



Faculté des Sciences de la Technologie
Département d'Automatique
Mémoire de fin d'études pour l'obtention du diplôme de master en
Automatique
Option : Automatique et Système
Thème :

Estimation du COVID 19 par modèle à variation non locale

Réalisé par :

Razika BOUMENDJEL

Ghada MOSBAH

Encadré par :

Dr. Imane BOURAOU

Année : 2021 - 2022

Remerciement

Avant tout, nous adressons nos remerciements à Dieu, le tout puissant, de nous avoir donné la force et le courage pour réaliser ce travail.

Nous tenons à remercier vivement notre encadreur Dr. BOURAOUI Imane qui a proposé et dirigé ce travail. Nous tenons également à remercier les membres de jury pour l'honneur qu'ils nous ont fait en acceptant d'évaluer ce travail.

Nous tenons à remercier les responsables et tout le personnel du département Automatique de l'université Mohammed Seddik Benyahia – Jijel pour les facilités qu'ils nous ont accordés pour terminer ce travail.

Enfin, nous remercions tous ceux qui ont contribué de près ou de loin à notre formation et à l'élaboration de ce modeste mémoire, en particulier les enseignants du département d'Automatique.

Dédicace

*Je dédie ce travail en signe de respect et de reconnaissance à toute ma famille et
à Tous ceux que j'aime.*

Razika

Dédicace

A ma très chère mère ;

A la lumière de mes yeux, l'ombre de mes pas et le bonheur de ma vie ma mère qui ma apporté son appui durant toutes mes années d'étude, pour son sacrifice et soutien qui m'ont donné confiance, courage et sécurité. Tu représentes pour moi le symbole de la bonté par excellence, la source de tendresse et l'exemple du dévouement qui n'a pas cessé de m'encourager et de prier pour moi. Ta prière et ta bénédiction m'ont été d'un grand secours pour mener à bien mes études. Aucune dédicace ne saurait être assez éloquente pour exprimer ce que tu mérites pour tous les sacrifices que tu n'as cessé de me donner depuis ma naissance, jusqu'à aujourd'hui.

A mon père.....

A mon cher frère ; Chihab.....

A mes sœur ; maria rima.....

Merci pour tout

Ghada

Sommaire

| | |
|----------------------------|----|
| Liste des figures | iv |
| Liste des tableaux..... | v |
| Introduction générale..... | 1 |

Chapitre 1 : introduction sur covid 19

| | |
|---|----|
| 1.1 Introduction..... | 3 |
| 1.2 Le système respiratoire de l'être humain..... | 3 |
| 1.2.1 Structure | 3 |
| 1.2.1.1 Les voies aériennes..... | 3 |
| 1.2.1.2 Les poumons | 5 |
| 1.2.1.3 L'épithélium | 5 |
| 1.2.1.4 La cage thoracique..... | 5 |
| 1.2.1.5 La plèvre | 6 |
| 1.2.1.6 Les muscles respiratoires..... | 6 |
| 1.2.1.7 Le plexus cervical..... | 6 |
| 1.2.2 Fonctionnement..... | 6 |
| 1.2.2.1 La respiration externe..... | 7 |
| 1.2.2.2 La respiration interne..... | 7 |
| 1.2.2.3 Transport des gaz dans le sang..... | 8 |
| 1.2.4 Maladies respiratoires chroniques..... | 8 |
| 1.3 Le COVID-19..... | 9 |
| 1.3.1 Définition..... | 9 |
| 1.3.2 Les symptômes..... | 11 |
| 1.3.3 Historique..... | 12 |
| 1.3.4 Les mutations du coronavirus | 12 |
| 1.3.4.1 Variant d'intérêt (VOI) ex : mu..... | 13 |

| | |
|--|----|
| 1.3.4.2 Variant de concerne (VOC) :EX : delta..... | 13 |
| 1.3.4.3 Mutations de la protéine S..... | 13 |
| 1.3.4.4 Mutations B.1.1.529: Omicron..... | 14 |
| 1.4 Méthodes de diagnostic..... | 14 |
| 1.4.1 Teste biologique..... | 14 |
| 1.4.1.1 le RT-PCR..... | 14 |
| 1.4.1.2 Le teste antigénique..... | 14 |
| 1.4.1.3 Le test sérologique..... | 15 |
| 1.4.1.4 Rapports de sang..... | 15 |
| 1.4.2 Test par imagerie..... | 15 |
| 1.4.2.1 Tomodensitométrie thoracique..... | 15 |
| 1.4.2.2 Radiographie thoracique..... | 16 |
| 1.4.2.3 Echographie thoracique..... | 17 |
| 1.5 Conclusion..... | 17 |

Chapitre 2 Modèle à variation non-locale

| | |
|--|----|
| 2.1. Introduction..... | 19 |
| 2.2 Généralités sur les images..... | 19 |
| 2.2.1 L'image radiologique..... ; | 19 |
| 2.2.2 La radiologie numérique..... | 19 |
| 2.2.3 L'image numérique..... | 20 |
| 2.2.4 Détections des régions d'intérêts d'une image..... | 20 |
| 2.3 Notions de base..... | 21 |
| 2.3.1 Equation d'énergie..... | 21 |
| 2.3.2 Équations d'évolution non-locales..... | 22 |
| 2.3.3 Méthode des différences finies..... | 23 |
| 2.3.3.1 Principe de la méthode..... | 23 |
| 2.3.3.2 Discrétisation..... | 24 |
| a. Schémas explicites..... | 25 |

| | |
|---|----|
| b. Schémas implicites..... | 26 |
| 2.4 Description de modèle..... | 26 |
| 2.4.1 Présentation de l'image..... | 27 |
| 2.4.2 Analyse comportementale de modèle..... | 28 |
| 2.4.3 Algorithme numérique..... | 30 |
| 2.5 Conclusion..... | 31 |
| Chapitre 3 Analyse des résultats | |
| 3.1 Introduction..... | 33 |
| 3.2 Base de données..... | 33 |
| 3.3 Description de l'algorithme..... | 34 |
| 3.4 Méthodes de classification..... | 35 |
| 3.4.1 Knn (K nearest neighbor) le K plus proche voisin..... | 35 |
| 3.4.2 SVM (support vector machine) | 36 |
| 3.5 Critères d'évaluation..... | 36 |
| 3.6 Analyse des résultats..... | 38 |
| 3.7 Conclusion..... | 42 |
| Conclusion générale..... | 43 |
| Références bibliographiques..... | 45 |
| Annexe..... | 51 |

Liste des figures

| | |
|---|----|
| Figure 1.1 : L'appareil respiratoire..... | 4 |
| Figure 1.2 : Fonctionnement de système respiratoire..... | 7 |
| Figure 1.3 : les échanges gazeux alvéolaires..... | 8 |
| Figure 1.4:schéma représentatif du virion SARS-CoV-2 montrant ses différents composants | 10 |
| Figure 1.5 : Présentation scanographique typique de pneumonie COVID-19..... | 16 |
| Figure 1.6 : Radiographie thoracique montrant un « aspect typique ». | 17 |
| Figure 2.1 : Image numérique. | 20 |
| Figure 2.2 : Schémas des approches de discrétisation. | 26 |
| Figure 2.3: Exemple des étapes de détection des régions d'intérêt. | 30 |
| Figure 3.1 : Echantillons des images de la radiographie de tomodensitométrie (CT). | 32 |
| Figure 3.2 : schéma fonctionnel pour la détection des régions d'intérêt. | 33 |
| Figure 3.3 : Résultats de segmentation pour les cas de COVID. | 34 |
| Figure 3.4 : Résultats de segmentation pour les cas de non-COVID. | 40 |

Liste des tableaux

| | |
|--|----|
| Tableau 1.1 : Symptômes du COVID-19..... | 11 |
| Tableau 3.1 : Matrice de confusion des prédictions d'un classifieur à deux classes..... | 37 |
| Tableau 3.2 : Environnement du travail..... | 38 |
| Tableau 3.3 : Résultats de classification par SVM..... | 41 |
| Tableau 3.4 : Résultats de classification par k -NN ($k=1$)..... | 41 |
| Tableau 3.5 : Résultats de classification par k -NN ($k=3$)..... | 41 |
| Tableau 3.6 : Temps d'exécution pour chaque paramètre..... | 41 |

Introduction générale

Introduction générale

Le SARS-CoV-2 est le virus responsable de la COVID-19, un syndrome respiratoire aigu sévère. Ce dernier est responsable de la crise sanitaire à laquelle le monde est confronté depuis la fin de l'année 2019. L'organisation mondiale de la santé (OMS) attribue ainsi à la COVID-19 le statut officiel de pandémie le 11 Mars 2020. Les premiers décès y étant liés sont enregistrés le 31 décembre 2019 à Wuhan (Chine), qui est alors considérée comme l'épicentre de la pandémie. Depuis, près de 4 millions de personnes ont succombé à la maladie et ce chiffre varie en fonction du système de comptage utilisé [37]. Ce pathogène, de la famille des coronavirus, est notamment transmissible par voie aérienne, via des microgouttelettes ou des fomites. Ce mode de transmission a favorisé la rapide expansion du virus à travers le monde [38]. La COVID-19 engendre, dans les cas les plus graves, un syndrome respiratoire aigu sévère, voire même la mort par une défaillance organique multiple [39].

Comme mesure provisoire, des tests COVID-19 plus répandus soient disponibles, certaines pratiques médicales demandent une tomodensitométrie thoracique pour éclairer les décisions sur l'opportunité de tester un patient pour COVID-19, d'admettre un patient ou de fournir un autre traitement. Un scanner thoracique normal ne signifie pas qu'une personne n'a pas d'infection au COVID-19 - et un scanner anormal n'est pas spécifique au diagnostic de COVID-19.

La détection des régions d'intérêt dans le cadre variationnel pour les processus d'image est qu'elles peuvent être facilement formulées dans un cadre de minimisation d'énergie et permettent l'inclusion de contraintes pour assurer la régularité de l'image tout en préservant les caractéristiques importantes.

Pour estimer le diagnostic du covid-19, nous nous implémentant la détection des régions d'intérêt dans le cadre variationnel sur les images COVID-CT par filtrage p-Laplacien sur MATLAB, dans le but de faire échapper l'arrière-plan tout en préservant les visiblement arrondi de l'image COVID-CT. Pour cela nous avons élaboré notre mémoire auprès de trois chapitres :

- ✚ **Le premier chapitre** : qui contient un aperçu sur l'anatomie et la physiologie de système respiratoire humaine, l'historique et les caractères virologiques du SARS-CoV-2, les aspects cliniques associés à COVID-19. Puis avoir une idée générale sur l'influence du Virus covid-19 sur les poumons. ainsi que les examine para clinique biologique et radiologique, et explique on détail tomodensitométrie thoracique.

- ✚ **Le deuxième chapitre :** est consacré la description d'un modèle mathématique basé sur la méthode de différence finie, l'équation d'énergie et le filtrage p -Laplacien. Ce modèle permet la détection des régions d'intérêt d'une image médicale.
- ✚ **Le troisième chapitre :** qui porte sur l'application de cet algorithme sur des images de la tomodensitométrie thoracique et la description des méthodes de classification (knn, svm) pour évaluer notre méthode.

Et on termine ce travail par une conclusion générale.

Chapitre 1

Introduction sur le COVID-19

1.1 Introduction

La nouvelle maladie coronavirus COVID-19 présente un défi international depuis son apparition. Cette maladie qui a conduit le monde vers une crise sans précédent, causant des millions de décès et ayant un impact énorme sur nos systèmes de santé et socio-économique.

Dans ce chapitre, nous nous sommes intéressés en premier lieu à décrire le système respiratoire (pulmonaire) du corps humaine. Ensuite, on présente l'historique, les caractères virologiques du SARS-CoV-2, les aspects cliniques associés à COVID-19, et les moyens de diagnostic.

1.2 Le système respiratoire de l'être humain

Le système respiratoire contient deux parties : la partie supérieure et inférieure, chaque une contient plusieurs organe .on vas décrire on détail l'anatomie (la structure) et la physiologie (le fonctionnement) du ces organe et les échanges gazeux qui sont La respiration externe représente les échanges gazeux dans les poumons, entre le sang et l'air alvéolaire et La respiration interne représente les échanges gazeux dans les tissus entre le sang et les cellules. Puis à présenter les maladies respiratoires chroniques.

1.2.1 Structure

L'appareil respiratoire est composé par : les voies aériennes, les poumons et l'épithélium, les éléments annexes aux poumons (cage thoracique, plèvre, muscles).

1.2.1.1 Les voies aériennes

C'est l'ensemble des voies que l'air emprunte pour aboutir aux poumons. Parmi les voies aériennes nous avons celles supérieures et celles inférieures.

- ✓ Les voies aériennes supérieures(VAS) :

Ont un rôle de réchauffement et d'humidification du gaz inspiré. Les voies aériennes supérieures ou extra thoraciques comprennent les fosses nasales, le pharynx, la bouche

- ✓ Les voies aériennes inférieures :

Comprennent le larynx, la trachée, les bronches [1]

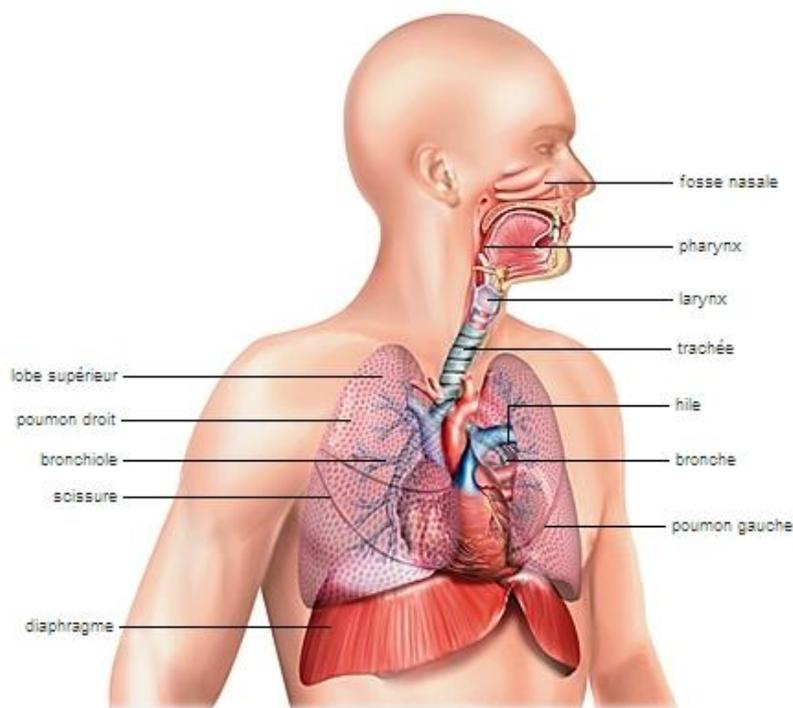


Figure 1.1 L'appareil respiratoire

- Les cavités nasales (fosse nasale) : constituent le premier conduit du système respiratoire. Elles sont tapissées de poils et de cils qui permet de filtrer l'air et de le nettoyer. C'est aussi le lieu de réchauffement et d'humidification de l'air.
- Le pharynx : est un carrefour aéro-digestif. Son rôle est d'obturer la voie aérienne lors de la déglutition.
- Le larynx : est la voie respiratoire qui permet le passage de l'air et qui relie le pharynx à la trachée. Il est de structure cartilagineuse.
- La trachée : est un conduit cartilagineux qui relie le larynx aux bronches et qui permet le passage de l'air. Elle est composée des anneaux cartilagineux qui ont le but de garder sa forme cylindrique et l'empêcher de s'affaisser sur elle-même. Les parois internes de la trachée sont recouvertes de mucus et de cils vibratiles, ce qui permet de capter les petits corps étrangers (comme des poussières) et de les faire remonter vers le haut pour protéger les poumons.
- Les bronches: Le système respiratoire comporte deux bronches principales. Chacune de ces bronches conduit l'air vers l'un des deux poumons. Ces bronches constituent les premières ramifications à l'intérieur des poumons. Il n'y a aucun échange gazeux à cet endroit. [2]

1.2.1.2 Les poumons

Les poumons occupent l'essentiel du volume thoracique de la première cote jusqu'au diaphragme, séparés sur la ligne médiane par un espace occupé par le cœur et les gros vaisseaux, c'est le médiastin. Ce sont deux organes spongieux (ils flottent sur l'eau). Ils sont formés par la juxtaposition d'un très grand nombre d'éléments de petite dimension : les lobules pulmonaires [3], Leur couleur naturelle est rose pâle et ils s'ornent de striés noirs plus ou moins marqués selon l'âge de l'individu et la quantité d'impuretés inspirées (tabac).

Chaque poumon présente :

- une face externe, costale, arrondie d'avant en arrière ;
- une face interne, médiastinale, plane où s'ouvre le hile du poumon ;
- une base, large reposant sur le diaphragme ;
- un sommet, étroit et arrondi, correspondant au sommet de la cage thoracique [4].

Chaque poumon est divisé en lobes par des scissures :

- Le poumon droit, le plus volumineux (700g) est divisé en trois lobes (supérieur, moyen et inférieur). A ces trois lobes correspondent trois bronches lobaires.
- Le poumon gauche, plus petit n'en comporte que deux (supérieur et inférieur). A ces deux lobes correspondent deux bronches lobaires [3].

1.2.1.3 L'épithélium

Des fosses nasales aux bronchioles, la surface interne du conduit respiratoire est revêtue d'un épithélium cilié, recouvert de mucus. L'épithélium trachéo-bronchique, comprend principalement des cellules ciliées et des cellules caliciformes dont le pôle superficiel contient de nombreuses vacuoles de mucus et visqueux. Il a donc pour fonction essentielle : la protection. Plusieurs facteurs y participent : le mouvement ciliaire, le revêtement liquide et le conditionnement de l'air. [4]

1.2.1.4 La cage thoracique

C'est une cage osseuse, presque fermée en haut, mais largement ouverte en bas qui enferme les poumons. La cage thoracique est un ensemble que la nature a désiré très mobile pour assurer la respiration. Ce n'est pas une cavité rigide, mais déformable grâce à l'élasticité des côtes et des cartilages costaux [3]. Cette élasticité permet l'augmentation de son volume (les côtes et le sternum reviennent à leur position primitive d'affaissement). Mais les

poumons ne sont pas directement au contact de la cage thoracique, ils sont enveloppés dans une gaine protectrice : la plèvre

1.2.1.5 La plèvre

C'est une membrane séreuse qui unit le poumon et la cage thoracique. Elle est formée de deux feuillets, pariétal en dehors et viscéral en dedans, qui délimitent un espace virtuel [15].

- Le feuillet viscéral adhère à la surface pulmonaire.
- Le feuillet pariétal est en contact avec la paroi thoracique, d'une part (plèvre pariétale) et d'autre part il tapisse la face externe du médiastin.

1.2.1.6 Les muscles respiratoires

Les muscles respiratoires sont des muscles squelettiques [1]. Les muscles respiratoires contrôlent l'inspiration et l'expiration. Les muscles inspireurs sont les scalènes, le sterno-cléido-mastoïdien, les intercostaux et le petit dentelé [3]

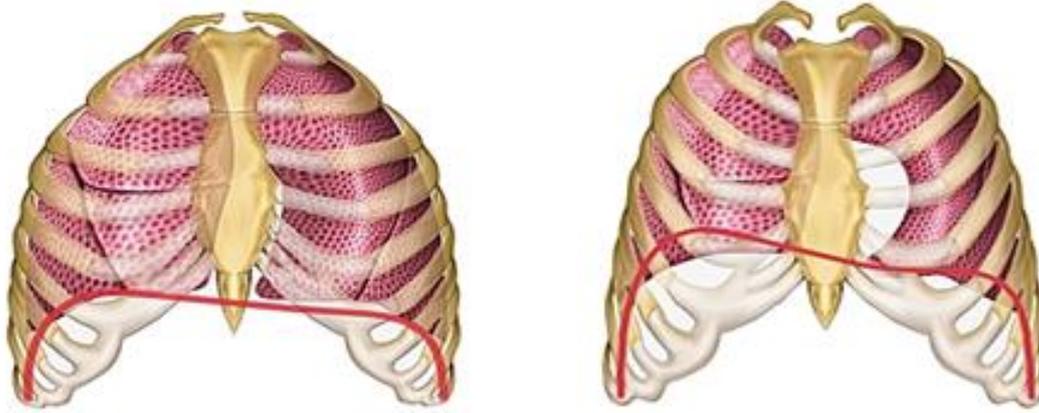
1.2.1.7 Le plexus cervical

Le plexus cervical formé de l'anastomose de plusieurs nerfs donne naissance à des troncs nerveux dont un rameau est le nerf phrénique qui innerve le diaphragme. Au niveau de la partie interne de chaque côté se trouve un nerf intercostal qui innerve le muscle intercostal en regard [4]. Ces nerfs permettent de contrôler les muscles de la respiration et la respiration elle-même [3]

1.2.2 Fonctionnement

L'inhalation se produit lorsque la contraction des muscles inspireurs fait augmenter le volume de la cavité thoracique, les poumons se dilatent et la pression dans la cavité thoracique et les poumons (pression dans les alvéoles) diminue: lorsque la pression dans le poumon tombe en dessous de la pression, l'air pénètre dans les poumons. Puis expirez passivement, ce qui entraîne une diminution du volume thoracique et une augmentation de la pression intra pulmonaire [5] :

- ✓ Muscles inspireurs: muscle diaphragme et espace intercostal externe
- ✓ Expiration: relaxation passive des muscles d'inhalation Expiration forcée: muscles intercostaux et muscles abdominaux.



A l'inspiration, le diaphragme (ligne rouge) se contracte et s'aplatie

A l'expiration, il reprend sa position de repos "en dôme"

Figure 1.2 Fonctionnement de système respiratoire

L'air alvéolaire contient plus d'O₂ et de vapeur d'eau, et moins de CO₂ que l'air atmosphérique.

1.2.2.1 La respiration externe

La respiration externe représente les échanges gazeux dans les poumons, entre le sang et l'air alvéolaire, à travers la membrane alvéolo-capillaire. Le sang rouge sombre de l'artère pulmonaire y devient écarlate tandis qu'il s'enrichit en O₂ et se débarrasse de son CO₂. La respiration externe est conditionnée par :

- ✓ l'épaisseur de la membrane alvéolo-capillaire (qui est faible) ;
- ✓ la surface d'échange (qui est très grande) ;
- ✓ le gradient de pressions partielles et la solubilité des gaz.

1.2.2.2 La respiration interne

La respiration interne représente les échanges gazeux dans les tissus entre le sang et les cellules, via le liquide interstitiel (LI) et à travers la paroi des vaisseaux sanguins et des membranes cellulaires. Le sang rouge écarlate des artères périphériques y devient sombre tandis qu'il cède de l'O₂ et se charge en CO₂. La respiration interne est conditionnée par :

- ✓ l'épaisseur de la membrane tissu-capillaire (qui est faible) ;
- ✓ la surface d'échange (qui est très grande) ;
- ✓ le gradient de pressions partielles et la solubilité des gaz.[6]

1.2.2.3 Transport des gaz dans le sang

- ✓ Le sang va transporter l'O₂ et le CO₂ – O₂ : poumons → tissus – CO₂ : tissus → poumons
- ✓ Pour ce transport, le sang va fixer O₂ et CO₂, de manière réversible deux formes de transport dans le sang
- ✓ Dans les Globules Rouges (GR), fixés sur l'hémoglobine (Hb)
- ✓ Dissous dans le plasma
- Oxygène
 - ✓ Un peu dissous dans le plasma
 - ✓ Majoritairement combiné à l'hémoglobine (Hb) dans les GR
- Gaz carbonique
 - ✓ Majoritairement (70%) combiné avec de l'eau pour donner de l'acide carbonique qui se dissocie en bicarbonates et proton dans les GR (enzyme = anhydrase carbonique) $\text{CO}_2 + \text{H}_2\text{O} \rightleftharpoons \text{H}_2\text{CO}_3 \rightleftharpoons \text{HCO}_3^- + \text{H}^+$
 - ✓ Combiné à l'hémoglobine (23%) ou dissous dans le plasma.

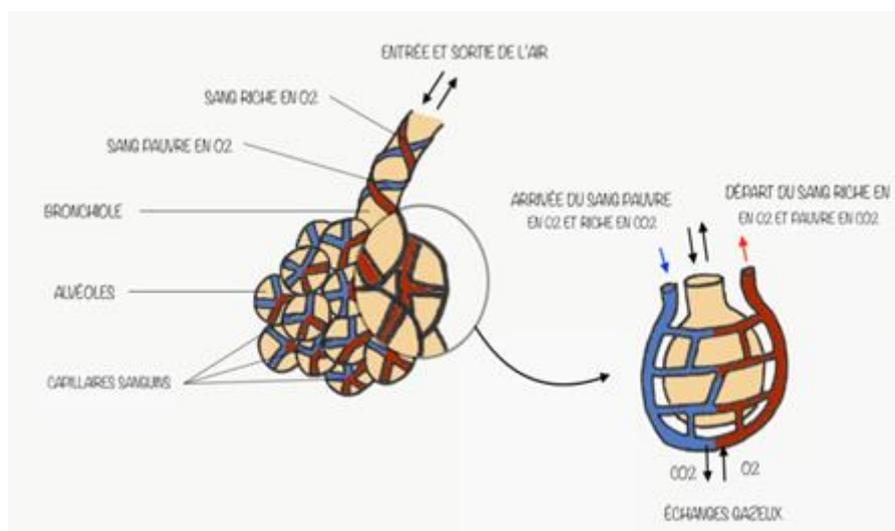


Figure 1.3 les échanges gazeux alvéolaires

1.2.4 Maladies respiratoires chroniques

Les maladies chroniques (MC), appelées aussi maladies non transmissibles (MNT) par opposition aux maladies infectieuses, sont définies par l'Organisation Mondiale de la Santé (OMS) comme des affections de longue durée évoluant lentement et résultant de la combinaison de facteurs génétiques, physiologiques, environnementaux et comportementaux. Une même personne peut être atteinte de deux ou plusieurs maladies chroniques. Elle présente alors une multi morbidité.

Les maladies chroniques des voies respiratoires sont des maladies qui peuvent se manifester à tout âge (chez les enfants, les adolescents, les adultes et les aînés) et qui affectent les voies aériennes et d'autres parties du poumon. Parmi ces maladies on retrouve la maladie pulmonaire obstructive chronique, le cancer du poumon, les allergies respiratoires, les pneumopathies professionnelles, l'hypertension artérielle pulmonaire, l'asthme...

Avec tous ces maladies chroniques, un virus dangereux s'est propagée qui représente une réelle menace pour l'humanité, qui est le virus Sars-CoV-2 ou COVID-19.

1.3 Le COVID-19

Dans cette section, on commence par la définition du COVID-19, on présente ensuite l'histoire de cette pandémie, et on termine par la description de différentes mutations de ce virus.

1.3.1 Définition

Le SARS-CoV-2 (Severe Acute Respiratory Syndrome CoronaVirus-2) responsable de la maladie hautement contagieuse COVID-19 (coronavirus disease 2019) déclarée comme pandémie mondiale par l'OMS le 11 mars 2020, est un virus apparu initialement à la ville de Wuhan en Chine le mois de décembre 2019 et qui s'est rapidement propagé dans le monde entier pour devenir une urgence de santé publique à portée internationale. [7]

Ce virus fait partie de la famille coronavirus « Cov » possédant un acide ribonucléique ARN simple brin de sens positif. Il diffère selon sa composition génétique du groupe SARS corona. (severe acute respiratory syndrome corona virus). Ce virus est de forme sphérique composé d'une enveloppe constituée d'une variété de protéines : de surface Spike (S), membranaires (M) ; et d'enveloppe (E) ainsi qu'une protéine de nucléocapsides. Ces protéines en pointe donnent au virus une forme particulière.

La covid-19 est due à un coronavirus appartenant à la famille des Coronaviridae, ordre nitroviral et au sous-groupe des Béta-Coronavirus, ont la transmission est principalement respiratoire par gouttelettes. Il atteint principalement le poumon, mais aussi le cœur, le rein, et d'autres organes exprimant le récepteur cellulaire ACE2 (enzyme de conversion de l'angiotensine 2). [8]

Les coronavirus sont des particules virales de forme sphérique, mesurant environ 80 à 220 nm de diamètre, enveloppées d'une bicouche phospholipidique inclus par des glycoprotéines de surface au nombre de 4(S,E,M,N). [9]

Le SARS-CoV-2, pareil aux autres coronavirus, présente quatre protéines structurales majeures :

- ✓ **Protéine S** (protubérances) : joue un rôle majeur lors de l'entrée virale. C'est une protéine de fusion organisée en trimères : la partie globulaire, ou S1, permet la liaison du virus à son récepteur ; la tige, ou S2, assure la fusion des membranes virales et cellulaires.
- ✓ **Protéine E** (enveloppe) : joue un rôle dans la sécrétion des virions.
- ✓ **Protéine M** (membrane) : joue un rôle majeur dans l'assemblage du virion.
- ✓ **Protéine N** (nucléocapside) : protéine qui en capsidise le génome viral pour former la nucléocapside hélicoïdale.
- ✓ La **protéine HE** (hémagglutinine estérase) est caractéristique et **spécifique** du sous-groupe A du genre *Beta coronavirus*.

Deux types différents de SRAS-CoV-2 ont été identifiés, le type L (représentant 70% des souches) et le type S (représentant 30%). Les conséquences cliniques de ces typages sont inconnues.[10]

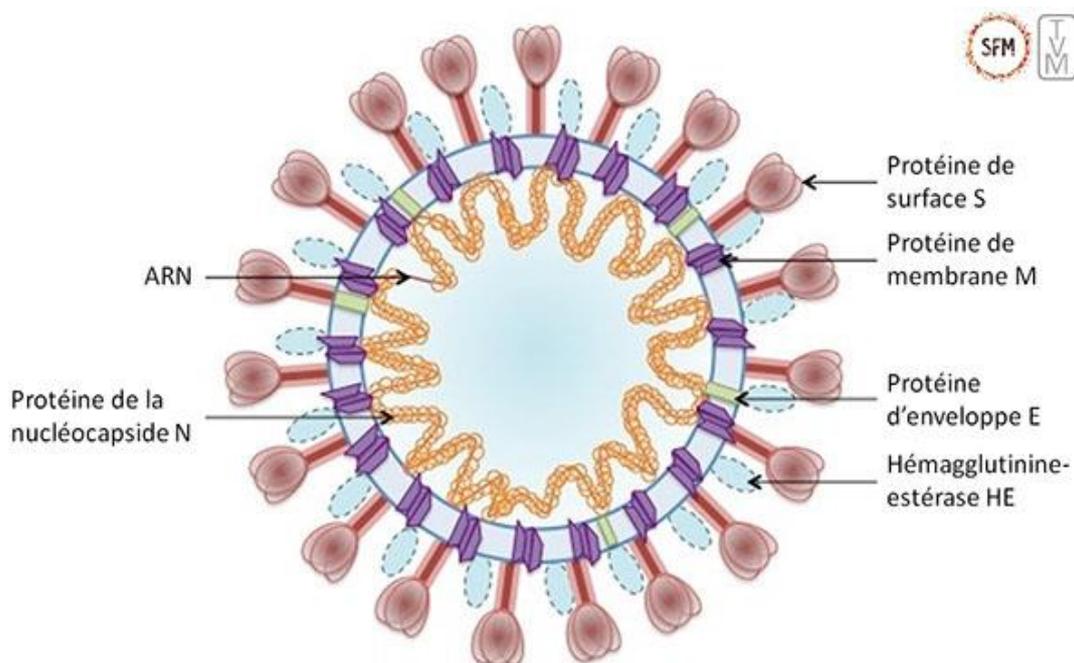


Figure 1.4 schéma représentatif du virion SARS-CoV-2 montrant ses différents composants

1.3.2 Les symptômes

Les symptômes de l'infection au COVID-19 apparaissent après une période d'incubation d'environ 5 jours. La période à partir du début des symptômes du COVID-19 jusqu'à la mort variaient de 6 à 41 jours avec une médiane de 14 jours. Cette période dépend de l'âge du patient et l'état du système immunitaire du patient. Elle était plus courte chez les patients de plus de 70 ans par rapport à ceux de moins de 70 ans. Ces symptômes sont généralement bénins et apparaissent de manière progressive.

Après l'apparition de la pandémie, l'organisation mondiale de la santé a partagé un nombre de symptômes qui caractérisent l'infection par le virus corona 2019.

| La forme normale | | La forme grave | |
|---|--|---|---|
| <i>Les symptômes les plus courants</i> | <i>symptômes moins courants peuvent toucher certains patients</i> | <i>Les symptômes les plus courants</i> | <i>symptômes sont moins courants</i> |
| <ul style="list-style-type: none"> - Fièvre - Toux sèche - Fatigue | <ul style="list-style-type: none"> - Perte du goût et de l'odorat, - Congestion nasale - Conjonctivite (yeux rouges), - Mal de gorge, - Maux de tête, - Douleurs musculaires ou articulaires, - Différents types d'éruption cutanée, - Nausées ou vomissements, - Intoxication digestive, - Frissons ou vertiges | <ul style="list-style-type: none"> - Essoufflement - Perte d'appétit, - État confusionnel, - Douleurs ou sensation d'oppression persistante dans la poitrine, - Température élevée (supérieure à 38° C). | <ul style="list-style-type: none"> - Irritabilité, - État confusionnel, - Altération de la conscience (parfois associée à des crises), - Troubles anxieux, - Dépression, - Troubles du sommeil, - Complications neurologiques plus graves et plus rares : accidents vasculaires cérébraux, inflammations du cerveau, délire et lésions nerveuses |

Tableau 1.1 Symptomes du COVID-19

1.3.3 Historique

Le premier cas de MERS-CoV est survenu en Arabie saoudite en 2012. Depuis lors, un total de 2494 cas d'infection ont été signalés, dont 858 décès associés, et un taux de létalité élevé estimé à 34,4 %. Cependant, aucun cas d'infection par le SRAS-CoV n'a été signalé depuis 2004, de même le MERS-CoV depuis 2012 (OMS 2011) reste non détecté.

Du 23 décembre 2019 au 29 décembre 2019, cinq patients ont été hospitalisés pour un syndrome de détresse respiratoire aiguë et l'un de ces patients est décédé, Au 2 janvier 2020, 41 patients hospitalisés avaient été identifiés comme étant ayant une infection au COVID-19 confirmée en laboratoire, moins de la moitié les patients avaient des maladies sous-jacentes [11]

De plus, seuls les patients cliniquement malades ont été testés, il y avait donc probablement beaucoup plus de patients qui étaient vraisemblablement infectés. Au 22 janvier 2020, un total de 571 cas de 2019-nouveau coronavirus (COVID-19) a été signalé dans 25 provinces (districts et villes) en Chine [12]. La Commission nationale chinoise de la santé a rapporté les détails des 17 premiers décès jusqu'au 22 janvier 2020. Le 25 janvier 2020, un total de 1975 cas ont été confirmés infecté par le COVID-19 en Chine continentale avec un total de 56 décès [13]. Un autre rapport du 24 janvier 2020 a estimé l'incidence cumulée en Chine à 5502 cas. Au 30 janvier 2020, 7734 des cas ont été confirmés en Chine et 90 autres cas ont également été signalés par un certain nombre de pays dont Taiwan, la Thaïlande, Vietnam, Malaisie, Népal, Sri Lanka, Cambodge, Japon, Singapour, République de Corée, Émirats arabes unis, États-Unis, Philippines, Inde, Australie, Canada, Finlande, France et Allemagne. Le taux de létalité était de 2,2% (170/7824) [14]. Le premier cas d'infection au COVID19 confirmé aux États-Unis a conduit au description, l'identification, le diagnostic, l'évolution clinique et la prise en charge de ce cas. Cela comprend les symptômes légers initiaux du patient lors de la présentation et la progression vers une pneumonie au jour 9 de la maladie.

1.3.4 Les mutations du coronavirus

Le taux d'évolution du SARS-CoV-2 est approximativement 1×10^{-3} substitution/site/an. Ceci représente des changements de 1 à 2 nucléotides par mois et par lignée, dans les 30 000 paires de bases du virus.

Le grand nombre d'individus infectés et la forte charge virale produite lors de chaque infection offrent de nombreuses possibilités pour les mutations du SARS-CoV-2 de se

développer et de subir une sélection, en particulier lors de l'augmentation de l'immunité de la population. Ces mutations, en particulier apparaissent sur le gène S codant pour la protéine de spicule (S), et peuvent affecter à la fois l'entrée virale dans des cellules ciblées médiées par la liaison de S à son récepteur ACE2 et l'efficacité des anticorps, car le domaine de liaison au récepteur (RBD) de S est la cible principale des anticorps neutralisants.

1.3.4.1 Variant d'intérêt (VOI) ex : mu

Ils conduisent à des modifications phénotypiques, ou ont des mutations génomiques soupçonnées d'entraîner de telles modifications, les VOI ont été identifiées dans de multiples événements de transmission et dans plusieurs pays.

1.3.4.2 Variant de concerne (VOC) :EX : delta

- Susceptible d'être associés aux phénomènes suivants :
- Accentuation de la transmissibilité ou un changement des paramètres épidémiologiques. Accroissement de la capacité virulente du variant.
- Evasion immunitaire dérivée à partir d'une infection ancienne.
- L'inefficacité des mesures sanitaires publique et clinique (vaccination, traitement, dépistage)

1.3.4.3 Mutations de la protéine S

Plusieurs mutations combinées définissent chaque nouvelle lignée. Lorsqu'elles surviennent sur la protéine S et en particulier sur son RBD, ces mutations peuvent affecter la liaison aux récepteurs ou aux anticorps. Les mutations suivantes sont particulièrement remarquables

- La mutation N501Y dans le RBD de S, entraîne une plus grande affinité pour le récepteur ACE2 humain, ce qui peut augmenter la transmissibilité [15].
- La mutation E484K également présente dans la RBD de S, est associée à une fuite immunitaire et une affinité accrue pour l'ACE2 . Notamment, une mutation similaire E484Q a également été associée à une fuite immunitaire [16].
- Les mutations K417N et K417T de la protéine S sont impliquées dans le changement de conformation et dans l'échappement des anticorps [17] . Il a été trouvé que K417N atténue l'affinité pour l'ACEII, mais ceci est compensé par la présence de N510Y, car l'affinité est encore plus élevée que lorsque les deux mutations sont absentes [18].
- La mutation L452R se trouve dans le RBD et peut donc être pertinente pour la transmissibilité ou l'échappement immunitaire [19] et l'échappement des médicaments.

➤ Les mutations $\Delta H69-\Delta V70$ de la protéine S sont associées à une ineffectivité accrue et à une diminution de la neutralisation des anticorps ;[20], ainsi qu'à une défaillance de la cible du gène S (SGTF) dans certains tests de RT-PCR multiplex.

1.3.4.4 Mutations B.1.1.529: Omicron

Le 24 novembre 2021, un nouveau variant du SRAS-CoV-2, B.1.1.529, a été signalé à l'Organisation mondiale de la santé (OMS), il est identifié pour la première fois au Botswana et en Afrique du Sud.

Le 26 novembre 2021, l'OMS a nommé le B.1.1.529 Omicron et l'a classé dans la catégorie des variants préoccupants (VOC).

Les chercheurs d'Afrique du Sud ont indiqué que le variant Omicron présentait 50 mutations et que la plupart d'entre elles (plus de 30 mutations) avaient été signalées dans la protéine spike (protéine S) du SRAS-CoV-2, qui a été utilisée comme cible clé pour la plupart des vaccins disponibles.

1.4 Méthodes de diagnostic

Dans cette section, on présente les méthodes les plus adaptées pour le diagnostic du COVID-19. On peut les classer en méthodes par tests biologiques et méthodes par imagerie médicales.

1.4.1 Teste biologique

1.4.1.1 le RT-PCR

Ce test a pour objectif de détecter la présence de l'ARN de SARS-CoV-2 dans un échantillon biologique, généralement nasopharyngé, au travers d'une réaction de transcription inverse de l'ARN suivie d'une réaction de polymérisation en chaîne permettant d'amplifier la quantité de matériel génétique détecté.

1.4.1.2 Le teste antigénique

Ces techniques ciblent sont rapides, moins onéreuses et laborieuses que la RT-PCR. Ils permettent de détecter les antigènes du SARS-CoV-2 (en général la protéine N). Ces tests peuvent être utilisés au laboratoire (tests de diagnostic rapide ou TDR) ou être réalisés auprès du malade (test d'orientation diagnostic ou TROD). Les TROD sont en effet, des méthodes rapide (résultat en 10 à 15 min), peu coûteuse, simple d'utilisation qui offrent la possibilité d'élargir l'accès aux tests et de réduire les retards de diagnostic. Ils doivent néanmoins, être

réalisés en respectant les normes de biosécurité. La plupart des TROD-Ag proposés sur le marché reposent sur des techniques immun chromatographiques. La spécificité de ces tests est assez proche de celle de la RT PCR, cependant, leur sensibilité est très variable et dépend étroitement de la charge virale qui est plus élevée au début de l'infection.

1.4.1.3 Le test sérologique

Le profil d'anticorps est vital pour le calendrier des demandes de tests sérologiques et l'interprétation des résultats des tests d'anticorps [21]. Des recherches, démontrent que les tests d'anticorps ont une valeur diagnostique importante en plus des tests d'ARN, indiquant qu'il s'agit d'un bon choix pour un diagnostic rapide, simple et très sensible [22]. De nombreux kits de test de laboratoire IgM/IgG et immuno-enzymatique (ELISA) ont été développés par des entreprises publiques et privées, pour tester les échantillons des patients pour la COVID-19 [23].

1.4.1.4 Rapports de sang

Dans la plupart des cas, les rapports sanguins montrent des taux de globules blancs normaux/bas, une faible numération plaquettaire tandis que la pro-calcitonine est généralement normale. De manière plus constante, les niveaux de protéine C-réactive (CRP) et de ferritine sont élevés et de manière similaire, les niveaux de créatine phosphokinase (CPK0), D-dimère, lactate déshydrogénase (LDH), phosphatase alcaline (ALK-phos) / transaminase (AST-ALT) ont également été élevé [24]; [25] .

1.4.2 Test par imagerie

1.4.2.1 Tomodensitométrie thoracique

La tomodensitométrie (TDM) thoracique sans injection est l'imagerie de référence dans la maladie de COVID-19. Elle offre de bonnes performances diagnostiques (Se = 90 %, Sp = 91 %), ce qui permet de rattraper d'éventuels faux négatifs de la RT-PCR et également de poser des diagnostics différentiels. La TDM avec injection peut être réalisé en cas de suspicion clinique d'embolie pulmonaire. La TDM thoracique est recommandée pour le diagnostic précoce des patients suspectés sans preuve RT-PCR. Cependant, elle doit être réservée aux patients testés positifs et suspectés d'avoir des complications, telles des signes de mauvaise tolérance respiratoire (dyspnée, désaturation...)

L'étude de Li et ses collaborateurs rapporte le tableau d'une pneumopathie souvent bilatérale (95,2 %) avec anomalies scanographiques de localisation sous pleurale et à

prédominance postérieure (figure 27). Les anomalies observées sont des images en verre dépoli, foyers de condensation alvéolaire, opacités linéaires, mais également épaissement des parois bronchiques. De plus, les lésions scanographiques dans les formes graves sont étendues [26]. Dans une autre étude, il a été montré une prédominance d'images en verre dépoli au stade initial avec apparition secondaire d'une association de verre dépoli, d'opacité réticulaires et de foyers de condensation [27]

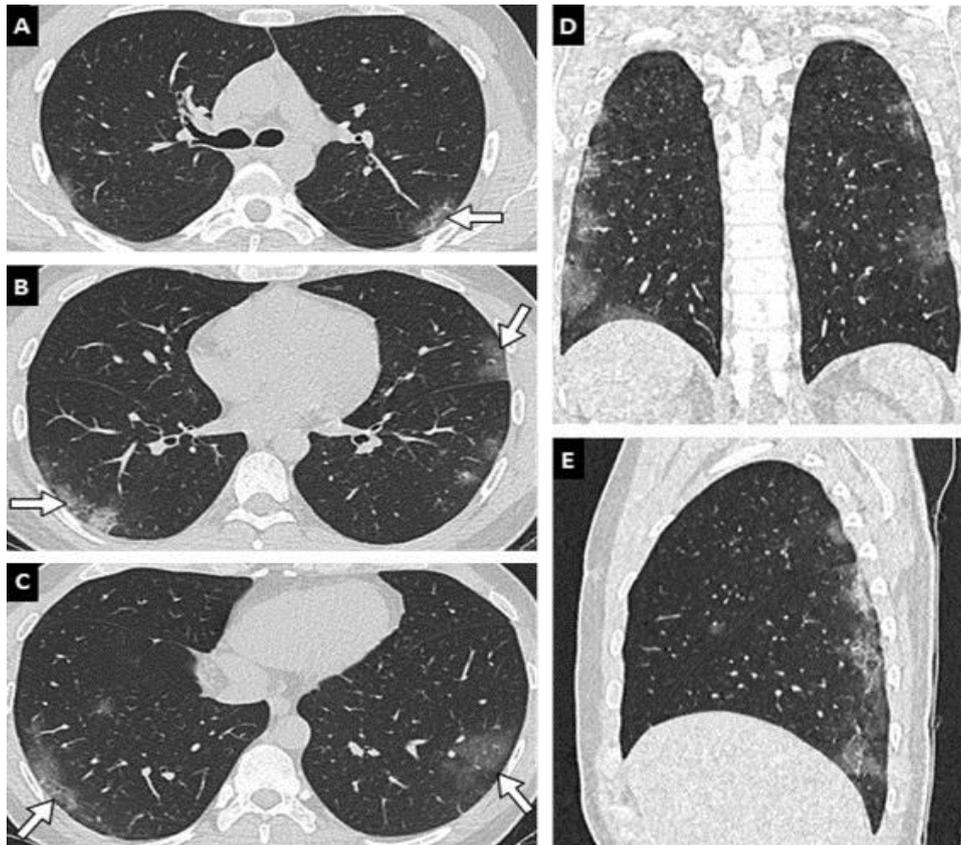


Figure 1.5 Présentation scanographique typique de pneumonie COVID-19 chez un homme de 35 ans. Scanner thoracique sans injection en coupes axiales (A, B, C), coronale (D) et sagittale (E). Plages de verre dépoli (flèches) bilatérales, sous-pleurales, prédominant dans les régions postérieures.[28]

1.4.2.2 Radiographie thoracique

La radiographie thoracique est un outil diagnostique simple, peu coûteux, de faible irradiation et réalisable au lit des patients. Elle garde un intérêt chez les patients de réanimation qui ne peuvent être déplacés au scanner. De même, elle peut être indiquée dans les formes modérées nécessitant une hospitalisation pour la recherche de diagnostics alternatifs expliquant les symptômes présentés par le patient, notamment un pneumothorax ou une pleurésie. Chez un homme de 66 ans testé positif pour l'infection à SARSCoV-2, la

radiographie thoracique montre des caractéristiques considérées comme typiques de COVID-19 .

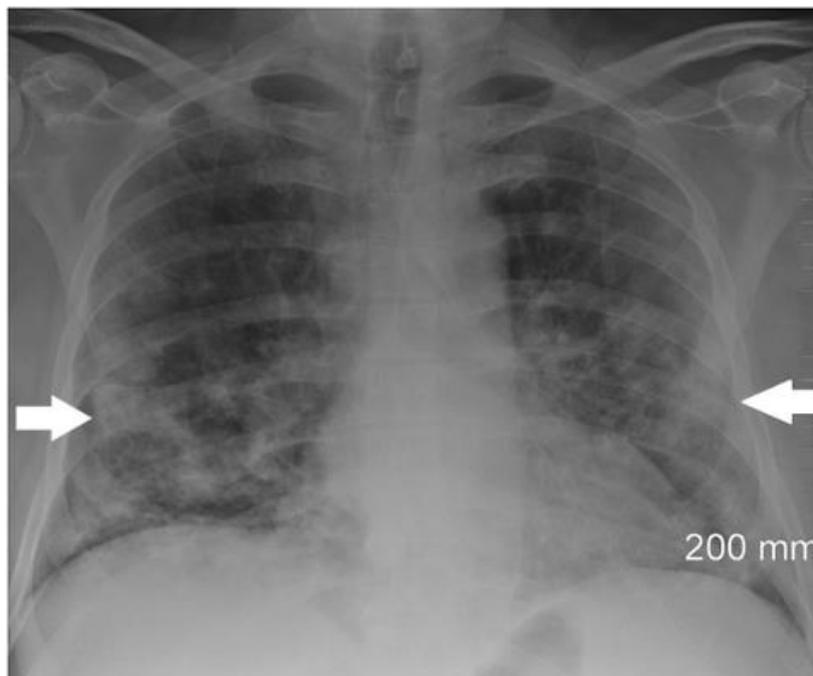


Figure 1.6 Radiographie thoracique montrant un « aspect typique ». Homme de 66 ans ayant une leucémie lymphoïde chronique arriver au service des urgences avec un historique de fièvre, aggravation de l’essoufflement, sueurs nocturnes, myalgies et diarrhée. Il avait été testé positif pour la maladie à coronavirus sept jours plus tôt. La radiographie thoracique montre des opacités périphériques (flèches) bilatérales prédominantes dans les lobes inférieurs. Il n’y a pas de liquide pleural.[29]

1.4.2.3 Echographie thoracique

L’échographie thoracique, contrairement au scanner, ne permet pas la distinction entre pneumopathie virale, atteinte bactérienne ou œdème interstitiel d’origine cardiogénique. De plus, elle impose un contact prolongé avec le patient confirmé ou suspect de COVID-19. Ainsi, elle ne doit pas être utilisée pour diagnostiquer ou exclure une infection à SARS-CoV2. Cependant, elle garde un intérêt chez les patients de réanimation qui ne peuvent être déplacés au scanner. Son intérêt permettrait d’identifier des complications de la ventilation (pneumothorax) et d’évaluer les épanchements pleuraux.

1.5 Conclusion

Dans ce chapitre, nous avons donné une explication détaillée du système respiratoire et de son importance dans le corps humain. Nous avons mis en évidence la définition, l’historique et les symptômes de la maladie à coronavirus (COVID19) qui est une maladie

respiratoire d'intensité légère à modérée et se rétablissent sans avoir besoin d'un traitement particulier. On a présenté également les méthodes de diagnostic qui sont méthode biologique (RT-PCR) et les méthodes par imagerie qui jouent un rôle complémentaire dans le diagnostic du COVID-19. A partir d'images médicales, de nombreux efforts ont été consacrés au développement de méthodes d'apprentissage automatiques pour effectuer le dépistage des cas de Covid-19. La description de l'une des méthodes d'apprentissage automatique qui consiste au développement d'un modèle variationnel non-local est l'objectif du chapitre suivant.

Chapitre 2

Modèle à variation non-locale

2.1. Introduction

L'imagerie médicale est utilisée sur toute la surface du globe afin de diagnostiquer, traiter, surveiller tous types de pathologies telles que le cancer, troubles neurologiques, problèmes cardiaques ainsi que bien d'autres problèmes de santé. L'imagerie médicale de l'épidémie du COVID-19 a été mise à contribution pour pouvoir déceler certains symptômes pulmonaires caractéristiques de ce virus et dépister les complications d'embolie pulmonaire et la fibrose.

Dans ce présent chapitre, nous décrivons un modèle mathématique pour l'analyse de l'image radiologique des pommons. Ce modèle est basé sur la minimisation de l'équation d'énergie, l'équation d'évolution non locale et la méthode des différences finies.

2.2 Généralités sur les images

2.2.1 L'image radiologique

La radiologie est une discipline médicale qui joue un rôle indispensable dans le diagnostic du patient. Très dynamique, cette branche a évolué très rapidement au fil des années et continue sans cesse de progresser. Quelle que soit la spécialité d'imagerie médicale, le médecin radiologue intervient en tant que consultant expert auprès de praticien (Médecins généralistes, dentistes, etc...) en l'aidant à choisir le parcours de soin le plus adapté à cas traité.

2.2.2 La radiologie numérique

La radiologie numérique est l'ensemble des techniques qui permettent d'obtenir des images radiologiques numérisées.

En radiographie, la numérisation peut se faire :

- en scannant le film qui a été développé suivant la méthode traditionnelle (analogique). Cette technique est importante dans le contexte de l'archivage des clichés.
- en scannant une plaque phosphore réutilisable qui a été marquée par l'image radiologique. On fait référence à ces systèmes en tant que « *CR* ».

L'image radiologique est obtenue par atténuation de la diffusion d'un faisceau de rayons X lors de sa traversée des différents tissus du corps. La qualité de l'image radiologique est basé sur plusieurs paramètres : la netteté, le contraste, la pratique correcte de l'incidence radiologique, le centrage, les paramètres électrique choisis, la qualité des films et les écrans renforçateurs. et enfin le bon développement du clichés.

2.2.3 L'image numérique

L'opération de formation d'une image conditionne à ses caractéristiques et une connaissance approfondie de la physique qui sous-tend la création du signal et sa détection est elle aussi de première importance.

- Une image I est une Matrice de dimension $L \times H$.
- Chaque élément à une valeur entière dans l'intervalle $[N_{min}, N_{max}]$.
- Le nombre de « bits » requis pour représenter les niveaux de gris dans l'intervalle « N » est « C »
- La relation entre « C » et « N » est : $N = 2^k$
- Le nombre de bit pour représenter une image est donc : $b = L \times H \times C$.

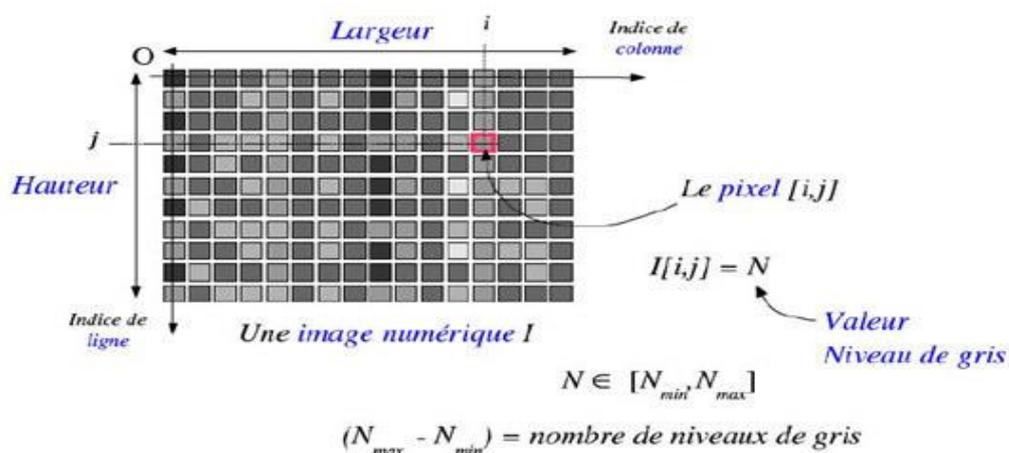


Figure 2.1 Image numérique

On peut distinguer de mode de résolutions des images :

- Résolution spatiale : est le plus petit détail discernable.
- Résolution tonale (de tons de gris) : est le plus petit changement discernable. Une image a donc une résolution spatiale de $L \times H$ pixel et une résolution de tons de gris de C bits ou de N niveaux ou tons.

2.2.4 Détections des régions d'intérêts d'une image

La détection de zones d'intérêt d'une image numérique consiste à mettre en évidence des zones de cette image jugées « intéressantes » pour l'analyse, c'est-à-dire présentant des propriétés locales remarquables. De telles zones peuvent apparaître, selon la méthode utilisée, sous la forme de points, de courbes continues, ou encore de régions connexes rectangulaires ou non et qui constituent le résultat de la détection.

2.3 Notions de base

Dans cette section, on présente les notions mathématiques de base pour définir notre modèle à variation non-locale pour estimation du COVID-19 en faisant disparaître l'arrière-plan tout en préservant les caractéristiques visuellement proéminentes des images radiologiques pulmonaires. Dans ce modèle, on utilise une fonction d'énergie décrite par une régularisation basée sur la diffusion, la transition de phase et le terme de réaction pour la fidélité. Puis, on introduit le p -Laplacien non-local pour pénaliser les valeurs intermédiaires d'intensité d'image et la transition de phase. Enfin, la méthode des différences finies pour la discrétisation des variables temporelles.

2.3.1 Equation d'énergie

L'équation d'énergie basée sur le modèle de Ginzburg-Landau [30] a été développée à l'origine pour décrire les transitions de phase dans les supraconducteurs proches de leur température critique, elle s'est avérée utile dans de nombreux domaines de la physique ou de la chimie. De plus, cette équation a été utilisée dans le domaine de traitement d'image [31]. Elle s'appuie sur l'énergie simplifiée par:

$$E_\varepsilon = \frac{1}{2} \int_{\Omega} \left(|\nabla u|^2 + \frac{1}{2\varepsilon^2} (1 - |u|^2)^2 \right) dx \quad (2.1)$$

Dont le flux associé régi par l'équation d'évolution suivante:

$$\frac{\partial u}{\partial t} = \Delta u + \frac{1}{\varepsilon^2} (1 - |u|^2)u \quad (2.2)$$

ε est une petite constante non nulle.

u est une valeur complexe indiquant l'état local du matériau:

- $|u| \approx 1$, si le matériau est en phase supraconductrice.
- $|u| \approx 0$, si le matériau est dans sa phase normale.

Une fois le modèle défini, il est nécessaire de trouver un minimum de l'énergie qui est censé délimiter les structures recherchées. D'un point de vue algorithmique, les premières méthodes développées pour trouver un minimum de l'énergie sont les méthodes de descente de gradient.

À partir de l'énergie $E(u)$, on calcule les équations d'Euler-Lagrange. On obtient une équation du type $\frac{\partial E}{\partial u} = 0$, que l'on résout en posant

$$\frac{\partial u}{\partial t} = - \frac{\partial E(u)}{\partial u} \quad (2.3)$$

On obtient alors une équation aux dérivées partielles qui modifie la forme de la courbe courante avec une vitesse qui est la direction de descente du critère énergétique. Étant donné une courbe fermée initiale, on calcule alors la solution de l'équation aux dérivées partielles pour cette condition initiale. La famille de courbes intermédiaires correspondante diminue le critère énergétique et converge vers un minimum de l'énergie, délimitant ainsi les régions d'intérêt de l'image.

Une théorie mathématique rigoureuse sur la fonction de Ginzburg-Landau montre qu'il existe une transition de phase entre les deux états ci-dessus [30].

La minimisation de l'équation (2.1) développe des zones homogènes qui sont séparées par des régions de transition de phase. Dans le traitement d'image, les zones homogènes correspondent à des domaines d'intensités de valeurs constantes de niveau de gris de l'image et des transitions de phase vers des caractéristiques.

2.3.2 Équations d'évolution non-locales

Les équations d'évolution non locales ont été largement utilisées pour modéliser les processus de diffusion dans de nombreux domaines [32]. Une équation d'évolution non locale correspondant à l'équation de Laplacien est présentée comme suit :

$$u_t(x, t) = J * u - u(x, t) = \int_{\mathbb{R}^N} J(x - y)(u(y, t) - u(x, t))dy \quad (2.4)$$

Le noyau J est une fonction radiale continue non négative et bornée avec $\text{supp}(J) \subset B(0, d)$ (Ensemble de support compact).

L'équation (2.3) est appelée une équation de diffusion non-locale car la diffusion de la densité en un point x et au temps t dépend non seulement de $u(x, t)$, mais aussi de toutes les valeurs de u dans un voisinage de x par le terme de convolution $J * u$.

Cette équation partage de nombreuses propriétés avec l'équation de chaleur classique $u_t = \Delta u$. Cette évolution non locale peut être considérée comme une diffusion isotrope non locale.

Pour l'équation de p -Laplacien : $u_t = \text{div}(|\nabla u|^{p-2} \nabla u)$, une contrepartie non locale a été étudiée mathématiquement dans la littérature [51], donnée par :

$$u_t(x, t) = \int_{\Omega} J(x - y) |u(y, t) - u(x, t)|^{p-2} (u(y, t) - u(x, t)) dy \quad (2.5)$$

Il a été prouvé que la solution de (2.4) converge vers la solution de p -Laplacian classique si $p > 1$ et au flux de variation totale lorsque $p = 1$ avec des conditions aux limites de Neumann lorsque le noyau de convolution J est redimensionné d'une manière appropriée [33]. La fonction d'énergie correspondante à (2.4) est:

$$E_p(u) = \frac{1}{p} \iint_{\Omega} J(x-y) |u(y,t) - u(x,t)|^p dydx \quad (2.6)$$

2.3.3 Méthode des différences finies

La méthode des différences finies est l'une des plus anciennes méthodes de simulation numérique qui est encore utilisée pour certaines applications. Le principe de construction des méthodes de différences finies consiste à discrétiser les opérateurs différentiels ∂_t et ∂_x , en faisant toutes hypothèses de régularité nécessaires pour justifier les divers ordres d'approximations.

Les avantages de cette méthode sont:

- simplicité de mise en œuvre
- efficacité
- possibilité de construire des approximations d'ordre élevé
- analyse locale (simple) de la précision et de la convergence
- les autres méthodes (E.F. et V.F.) peuvent souvent s'interpréter comme des schémas différences finies dans le cas de maillage régulier.

Mais elle possède un certain nombre de limitations

- domaine de calcul simple (maillage régulier)
- transformation géométrique possible, mais plus complexe
- traitement des conditions aux limites

2.3.3.1 Principe de la méthode

Cette méthode est basée sur la technique du développement en séries de Taylor. Elle est due aux travaux de plusieurs mathématiciens du 18-ème siècle (Euler, Taylor, Leibniz, ...). Cette technique permet de développer des schémas pour remplacer les dérivés premiers et seconds des EDP pour pouvoir envisager une solution numérique. Soit u une fonction suffisamment régulière. Soit $u(x, t)$ une fonction de l'espace et du temps. Par définition de la dérivée, on a :

$$\frac{\partial u}{\partial x}(x, t) = \lim_{i \rightarrow 0} \frac{u(x+i, t) - u(x, t)}{i} \quad (2.7)$$

$$\frac{\partial u}{\partial t}(x, t) = \lim_{i \rightarrow 0} \frac{u(x, t+n) - u(x, t)}{n} \quad (2.8)$$

On introduit la notation grand O en disant que si deux fonction $f(i)$ et $g(i)$ de i sont telles que :

$f(i) = O(g(i))$ quand $i \rightarrow 0$ alors il existe une constante C telle que $\left| \frac{f(i)}{g(i)} \right| < C$, pour $|i|$ assez petit.

Si i et n les pas d'espace et de temps sont petits, un développement de Taylor de u au voisinage de x donne :

$$u(x + i, t) = u(x, t) + i \frac{\partial u}{\partial x}(x, t) + \frac{i^2}{2!} \frac{\partial^2 u}{\partial x^2} + \dots + \frac{i^k}{k!} \frac{\partial^k u}{\partial x^k}(x, t) + O(i^{k+1}) \quad (2.9)$$

$$u(x - i, t) = u(x, t) - i \frac{\partial u}{\partial x}(x, t) + \frac{i^2}{2!} \frac{\partial^2 u}{\partial x^2} - \dots + \frac{i^k}{k!} \frac{\partial^k u}{\partial x^k}(x, t) + O(i^{k+1}) \quad (2.10)$$

Le développement en série de Taylor au voisinage du temps t s'écrit comme suit :

$$u(x, t + n) = u(x, t) + n \frac{\partial u}{\partial t}(x, t) + \frac{n^2}{2!} \frac{\partial^2 u}{\partial t^2} + \dots + \frac{n}{k!} \frac{\partial^k u}{\partial t^k}(x, t) + O(n^{k+1}) \quad (2.11)$$

$$u(x, t - n) = u(x, t) - n \frac{\partial u}{\partial t}(x, t) + \frac{n^2}{2!} \frac{\partial^2 u}{\partial t^2} - \dots + \frac{n}{k!} \frac{\partial^k u}{\partial t^k}(x, t) + O(n^{k+1}) \quad (2.12)$$

Avec $O(i^{k+1})$ et $O(n^{k+1})$: est appelé reste ou erreur de troncation. L'expression des dérivées premières et secondes s'obtient à partir de ces développements.

2.3.3.2 Discrétisation

Une méthode numérique nécessite de transformer le problème continu en un problème discret en utilisant des méthodes de discrétisation spatiales et temporelles. Nous nous intéresserons en particulier aux méthodes qui s'appuient sur un maillage de l'équation physique. Un maillage est vu comme une division du domaine de résolution en petits volumes de contrôle. La discrétisation doit alors être adaptée au maillage. Une méthode numérique comporte donc les éléments suivants :

- maillage : le maillage permet de décomposer un élément géométrique complexe (une surface ou un volume) en un assemblage de formes élémentaires (triangles, quadrangles, tétraèdres, etc..).

- discrétisation : c'est le procédé qui consiste à remplacer le problème initial continu (décrit par une EDP) par un problème approché discret, posé dans un espace de dimension finie. Nous distinguerons deux types de discrétisation :
 - *discrétisation spatiale* : Elle sera considérée comme donnée, et pourra être indifféremment issue des méthodes de différences finies, de volumes finis ou d'éléments finis.
 - *discrétisation temporelle* : les méthodes d'intégration temporelle utilisées pour la modélisation des EDPs sont réparties en deux catégories : les schémas explicites et implicites.

a. Schémas explicites

Les différences finies explicites sont entièrement définie à partir de celle obtenue au pas de temps $t + \Delta t$. Les schémas explicites sont relativement simples à coder et à résoudre et leur extension aux schémas d'ordres supérieurs (plus précis) généralement aisée.

Le pas de temps des schémas explicites est limité à cause de la condition de courant.

On utilise les nœuds connus $[(i - 1, n), (i, n), (i + 1, n)]$, soit par la condition initiale,

Si l'indice i repère la variable x et l'indice n repère la variable t , l'équation (2.3) discrétisée peut s'écrire en utilisant les différences centrées sur x et les différences à droite sur t :

$$\frac{\partial u}{\partial t} = \frac{u(i, n+1) - u(i, n)}{\Delta t} \quad (2.13)$$

$$\frac{\partial^2 u}{\partial x^2} = \frac{u(i-1, n) - 2u(i, n) + u(i+1, n)}{\Delta x^2} \quad (2.14)$$

Le schéma explicite de Différences Finis prend la forme

$$\frac{u(i, n+1) - u(i, n)}{\Delta t} - \frac{u(i-1, n) - 2u(i, n) + u(i+1, n)}{\Delta x^2} = 0 \quad \forall i \in \mathbb{Z} \quad (2.15)$$

Ce qui donne :

$$u(i + 1, n) = \lambda u(i - 1, n) + (1 - 2\lambda)u(i, n) + \lambda u(i + 1, n) \quad (2.16)$$

$$\text{Avec } \lambda = \frac{\Delta t}{\Delta x^2} \quad (2.17)$$

L'inconvénient principal de la méthode explicite est qu'elle nécessite de choisir Δt suffisamment petit, si non la solution de l'équation (2.16) devient instable.

La solution est dite stable (convergente) si : $\Delta t \rightarrow 0$; $u_{calculée} \rightarrow u_{exacte}$

Il faut que le coefficient de $u_{i,n}$ soit positif :

$$1 - 2\lambda > 0 \Rightarrow 0 < \lambda < \frac{1}{2} \quad (2.18)$$

b. Schémas implicites

Pour lesquelles les dérivées partielles sont remplacées par des termes dont l'échelle temporelle est inconnue a priori. La variable inconnue apparaît dès lors implicitement dans les équations algébriques dont la solution ne peut être obtenue que par la résolution simultanée du système.

Les schémas implicites comme leur nom l'indiquent, nécessitent un couplage entre les variables de tous les points de la grille de calcul et leur résolution exige une méthode par inversion de matrice (à chaque étape de temps résoudre un système algébrique). Les avantages des schémas implicites résident sur la stabilité de ses propriétés.

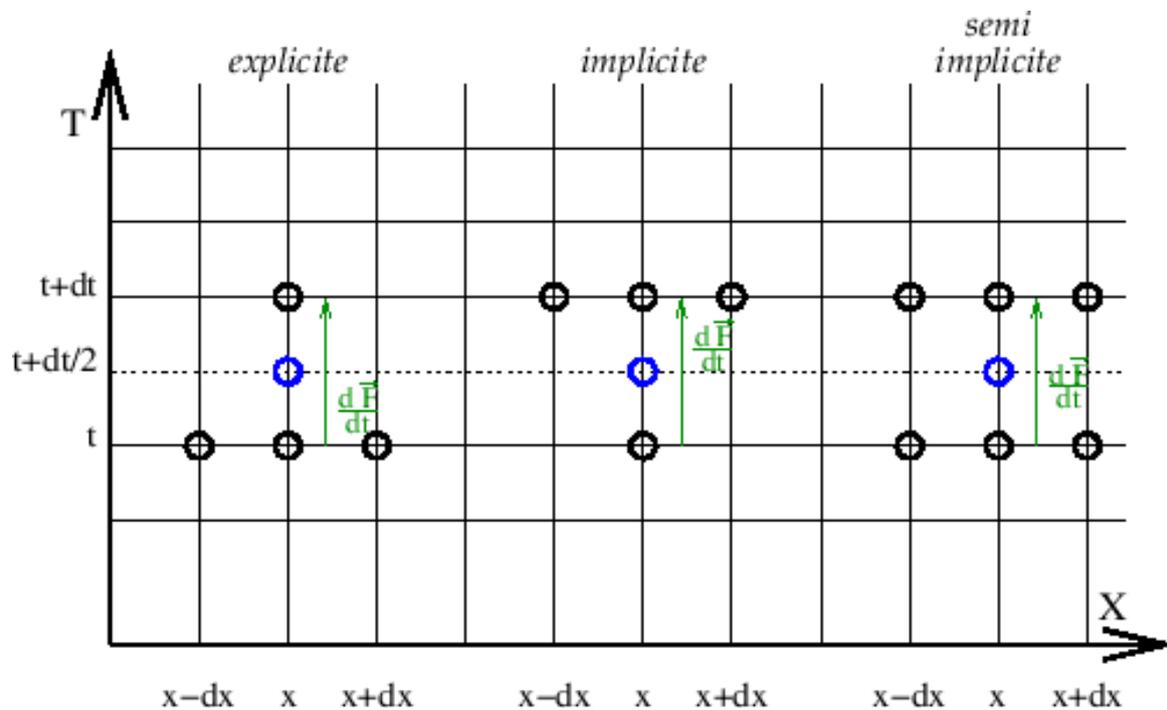


Figure 2.2 Schémas des approches de discrétisation

2.4 Description de modèle

Ce modèle offre les caractéristiques techniques suivantes:

- Le modèle peut être facilement formulées dans un cadre de minimisation d'énergie et permettre l'inclusion de contraintes pour assurer la régularité de l'image tout en préservant les caractéristiques importantes.

- L'utilisation de la régularisation p -Laplacienne non-locale permet de restreindre les caractéristiques de l'image résultante, c.-à-d. la direction des courbes de bord indiquée par le p -Laplacien non-local est plus précise que la direction indiquée par le p -Laplacien classique.
- L'évolution temporelle de l'équation d'Euler-Lagrange permet un contrôle flexible et intuitif de la procédure de détection.

2.4.1 Présentation de l'image

Le modèle proposé a été appliqué dans des scènes d'images variées. Soit $I : \Omega \rightarrow \mathbb{R}$ une image donnée dans le domaine $\Omega \subset \mathbb{R}^2$

A partir de l'image I , on construit une image initiale à valeur complexe

$$u_0 = v_0 + i\omega_0 \quad (2.19)$$

Avec :

$$v_0 = (-1)^k ((2I(x)/255) - 1) \quad (2.20)$$

$$\omega_0 = \sqrt{1 - v_0^2} \quad (2.21)$$

Où x est l'intensité de l'image dans l'intervalle $[-1,1]$.

$I(x)$ est identifié à la partie réelle v_0 de l'image complexe $u_0 = v_0 + i\omega_0$, de sorte que

$$|u_0| = 1 \text{ pour tout } x \in \Omega$$

On pose:

- $k = 1$, Si la zone d'intérêt est plus claire que l'arrière-plan dans l'image.
- $k = 0$, Si la zone d'intérêt est plus sombre que l'arrière-plan dans l'image.

Afin d'extraire les régions d'intérêt d'une image fixe, nous proposons la fonction d'énergie suivante :

$$E(u) = E_p(u) + \Psi(u) + \frac{\lambda}{2} \int_{\Omega} |u - u_0|^2 dx \quad (2.22)$$

Avec :

$$\Psi(u) = \frac{1}{2\varepsilon^2} \int_{\Omega} (1 - |u|)^2 dx \quad (2.23)$$

Dont : $p > 2$, $\lambda > 0$, ε est une petite constante. u est une fonction à valeur complexe, et $E_p(u)$ est définie par la fonction d'énergie (2. 22).

Notons que la fonction $\Psi(u)$ est légèrement différente du deuxième terme de modèle de Ginzburg-Landau dans (2.1).

L'utilisation de la fonction d'énergie (2.22) proposée est expliquée comme suit:

- ✓ La fonction $E_p(u)$ a pour but de pénaliser l'inhomogénéité spatiale de $u(x)$. Ainsi, le p -Laplacian non-local agit comme un régularisateur pour restreindre les caractéristiques des images résultantes.
- ✓ Le potentiel $\Psi(u)$ dans (2.22) a clairement un minimum à $|u| = 1$. Ainsi, la minimisation de la fonction (2.22) développe des zones homogènes séparées par des régions de transition de phase, ce qui rend $|u| \approx 1$ presque partout après une diffusion suffisante, à l'exception des régions dont les caractéristiques sont visuellement saillantes.
- ✓ Le troisième terme est un terme de fidélité qui contraint $u(x)$ à être une approximation proche de la fonction originale u_0 .

2.4.2 Analyse comportementale de modèle

Dans le calcul des variations, une méthode standard pour minimiser la fonction $E(u)$ est de trouver une solution à l'état stable de l'équation de flux à descente de gradient de l'équation (2.3) qui est une équation d'évolution d'une fonction dépendante du temps avec une variable spatiale (x, y) dans le domaine Ω et une variable temporelle artificielle $t \geq 0$ et l'évolution commence avec une fonction initiale donnée $u(x, 0) = u_0(x)$. Ainsi, une formulation dynamique qui découle naturellement de la définition de la fonction d'énergie (2.22) donnée par:

$$\frac{\partial u}{\partial t} = P_p^J(u) + \frac{1}{\varepsilon^2} |u|^{-1} (1 - |u|) u + \lambda (u - u_0) \quad (2.24)$$

Avec la condition initiale $u(x, 0) = u_0(x)$ et la condition limite de Neumann est $\partial u / \partial \vec{n} = 0$ sur $\partial \Omega$ (où \vec{n} est l'unité extérieure normale à $\partial \Omega$), où

$$P_p^J(u) = \int_{\Omega} J(x - y) |u(y) - u(x)|^{p-2} (u(y) - u(x)) dx \quad (2.25)$$

Le noyau $J : \Omega \rightarrow \mathbb{R}$ dans (2.25) est une fonction radiale non négative, bornée et radiale continue, avec $\text{supp}(J) \subset B(0, d)$ et satisfaisant aux les propriétés suivantes :

$$\begin{cases} (1) & J(-z) = J(z) \\ (2) & J(z_1) \geq J(z_2), \text{ si } |z_1| < |z_2|, \text{ et } \lim_{|z| \rightarrow \infty} J(z) = 0 \\ (3) & \int_{\Omega} J(z) = 1 \end{cases} \quad (2.26)$$

L'équation (2.24) est une équation de diffusion non-locale de type p -Laplacien avec des termes de réaction non linéaires. En outre, le p -Laplacien non local $P_p^J(u)$ dans (2.24) agit comme un régularisateur pour restreindre les caractéristiques des images de sortie. Son dynamisme s'explique comme suit:

- (I) Le régularisateur $P_p^J(u)$ partage de nombreuses propriétés de la régularisation p -laplacienne classique. Équilibre entre la pénalisation des irrégularités (souvent dues au bruit) et la réservation des caractéristiques intrinsèques de l'image par les régularisateurs avec différentes valeurs de p .
- (II) Le régularisateur $P_p^J(u)$ améliore la régularisation p -Laplacienne classique basée sur le gradient local car la diffusion non locale en un point x et au temps t dépend de toutes les valeurs de u dans un plus grand voisinage de x . Le processus d'évolution au temps artificiel t donné par (2.15) est considéré comme un processus de dissipation d'énergie anisotrope. La direction de la diffusion anisotrope est indiquée par $|u(y, t) - u(x, t)|^{p-2}$ dans un plus grand voisinage. Elle s'approche de la direction de la courbe du bord de façon plus précise que la direction indiquée par le gradient.

Le comportement dynamique de la formule (2.24) montre que l'énergie dans (2.22) diminue de façon monotone dans le temps. Nous pouvons supposer que les régions moins actives dans l'évolution temporelle possèdent de riches informations et sont les plus susceptibles d'attirer l'attention de l'être humain (figure 2.3). Cependant, les informations non pertinentes seront progressivement supprimées, et les caractéristiques visuelles peuvent être préservées jusqu'à la fin.

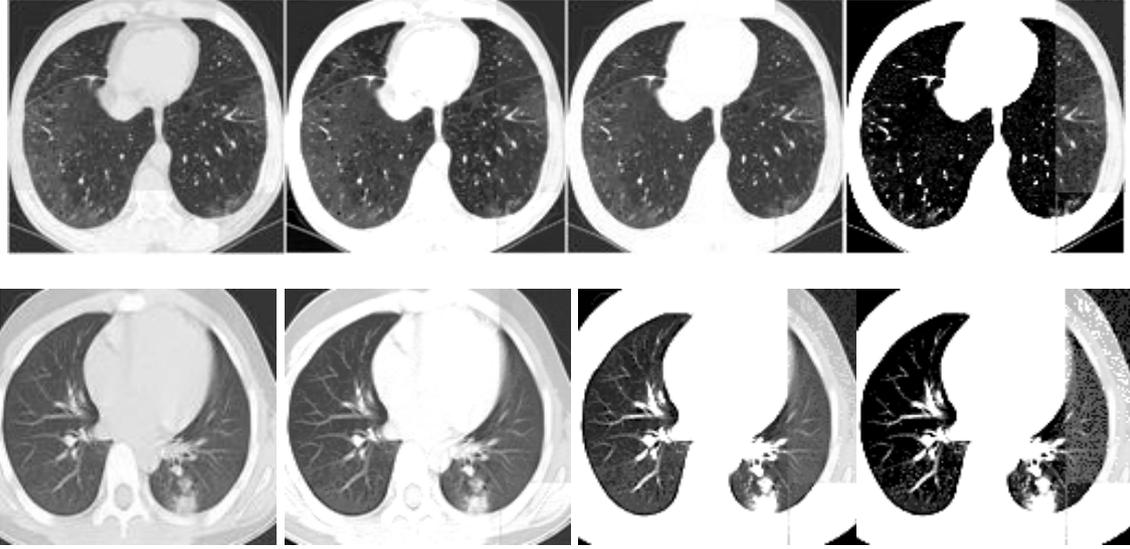


Figure 2.3 Exemple des étapes de détection des régions d'intérêt.

Les régions avec moins d'activité dans l'évolution temporelle ont des informations riches et sont les plus susceptibles d'attirer l'attention humaine. Par conséquent, les informations non pertinentes seront progressivement supprimées et les caractéristiques visuelles pourront être préservées jusqu'à la fin. Cela permet de contrôler le flux d'informations des images originales aux régions d'intérêt.

2.4.3 Algorithme numérique

Dans cette section, nous présentons brièvement l'algorithme numérique et la procédure pour résoudre l'équation d'évolution (2.24).

Soit u est une fonction à valeurs complexes, $u = (v, \omega)$, et nous pouvons obtenir les équations d'Euler-Lagrange suivantes avec (2.24) :

$$\begin{aligned} \frac{\partial v}{\partial t} = & \int_{\Omega} J(x-y) \left((v(y) - v(x))^2 + (\omega(y) - \omega(x))^2 \right)^{(p-2)/2} \times (v(y) - v(x)) dy + \\ & \frac{1}{\varepsilon^2} (v^2 + \omega^2)^{-1/2} (1 - (v^2 + \omega^2)) v + \lambda(v - v_0) \end{aligned} \quad (2.27)$$

$$\begin{aligned} \frac{\partial \omega}{\partial t} = & \int_{\Omega} J(x-y) \left((v(y) - v(x))^2 + (\omega(y) - \omega(x))^2 \right)^{(p-2)/2} \times (\omega(y) - \omega(x)) dy + \\ & \frac{1}{\varepsilon^2} (v^2 + \omega^2)^{-1/2} (1 - (v^2 + \omega^2)) \omega + \lambda(\omega - \omega_0) \end{aligned} \quad (2.28)$$

Avec la condition initiale $v(x, 0) = v_0(x)$ et $\omega(x, 0) = \omega_0(x)$

Soit h et Δt les pas d'espace et de temps respectivement, et $(i, j) = (ih, jh)$ les points de grille.

Soit $u_{i,j}^n = u(i, j, n\Delta t)$ avec $n > 0$. Puis nous discrétisons la variable temporelle en utilisant la méthode d'Euler explicite pour (2.24) et nous obtenant:

$$\frac{u_{i,j}^{n+1} - u_{i,j}^n}{\Delta t} = \sum_{(k,l) \in \Omega} \left[J((k,l) - (i,j)) |u_{k,l}^n - u_{i,j}^n|^{p-2} (u_{k,l}^n - u_{i,j}^n) \right] + \frac{1}{\varepsilon^2} u_{i,j}^n |u_{i,j}^n|^{-1} (1 - u_{i,j}^n) - \lambda (u_{i,j}^n - (u_0)_{i,j}) \quad (2.29)$$

Les formules d'itération sont données par :

$$\frac{v_{i,j}^{n+1} - v_{i,j}^n}{\Delta t} = \sum_{(k,l) \in \Omega} \left[J((k,l) - (i,j)) \left((v_{k,l}^n - v_{i,j}^n)^2 + (\omega_{k,l}^n - \omega_{i,j}^n)^2 \right)^{p-2/2} (v_{k,l}^n - v_{i,j}^n) \right] + \frac{1}{\varepsilon^2} v_{i,j}^n \left((v_{i,j}^n)^2 + (\omega_{i,j}^n)^2 \right)^{-1/2} \left(1 - \left((v_{i,j}^n)^2 + (\omega_{i,j}^n)^2 \right)^{1/2} \right) - \lambda (v_{i,j}^n - (v_0)_{i,j}) \quad (2.30)$$

Alors

$$v_{i,j}^{n+1} = \left[\sum_{(k,l) \in \Omega} \left[J((k,l) - (i,j)) \left((v_{k,l}^n - v_{i,j}^n)^2 + (\omega_{k,l}^n - \omega_{i,j}^n)^2 \right)^{p-2/2} (v_{k,l}^n - v_{i,j}^n) \right] + \frac{1}{\varepsilon^2} v_{i,j}^n \left((v_{i,j}^n)^2 + (\omega_{i,j}^n)^2 \right)^{-1/2} \left(1 - \left((v_{i,j}^n)^2 + (\omega_{i,j}^n)^2 \right)^{1/2} \right) - \lambda (v_{i,j}^n - (v_0)_{i,j}) \right] \Delta t + v_{i,j}^n \quad (2.31)$$

Et

$$\frac{\omega_{i,j}^{n+1} - \omega_{i,j}^n}{\Delta t} = \sum_{(k,l) \in \Omega} \left[J((k,l) - (i,j)) \left((v_{k,l}^n - v_{i,j}^n)^2 + (\omega_{k,l}^n - \omega_{i,j}^n)^2 \right)^{p-2/2} (\omega_{k,l}^n - \omega_{i,j}^n) \right] + \frac{1}{\varepsilon^2} \omega_{i,j}^n \left((v_{i,j}^{n+1})^2 + (\omega_{i,j}^n)^2 \right)^{-1/2} \left(1 - \left((v_{i,j}^{n+1})^2 + (\omega_{i,j}^n)^2 \right)^{1/2} \right) - \lambda (\omega_{i,j}^n - (\omega_0)_{i,j}) \quad (2.32)$$

Alors

$$\omega_{i,j}^{n+1} = \left[\sum_{(k,l) \in \Omega} \left[J((k,l) - (i,j)) \left((v_{k,l}^n - v_{i,j}^n)^2 + (\omega_{k,l}^n - \omega_{i,j}^n)^2 \right)^{p-2/2} (\omega_{k,l}^n - \omega_{i,j}^n) \right] + \frac{1}{\varepsilon^2} \omega_{i,j}^n \left((v_{i,j}^{n+1})^2 + (\omega_{i,j}^n)^2 \right)^{-1/2} \left(1 - \left((v_{i,j}^{n+1})^2 + (\omega_{i,j}^n)^2 \right)^{1/2} \right) - \lambda (\omega_{i,j}^n - (\omega_0)_{i,j}) \right] \Delta t + \omega_{i,j}^n \quad (2.33)$$

La fonction de noyau est choisie comme suit :

$$J(x) = \begin{cases} C \exp\left(\frac{1}{|x|^2 - d^2}\right) & \text{si } |x| < d \\ 0 & \text{si } |x| \geq d \end{cases}$$

- La constante C est choisie de telle sorte que $\int_{\Omega} J(x) = 1$.
- Les résultats sont affichés par $\tilde{I} = (255 \cdot (v + 1))/2$

2.5 Conclusion

Dans ce chapitre, nous avons présenté un modèle à variation non local pour la détection des régions d'intérêt sur des images fixes, à partir duquel diverses caractéristiques peuvent être détectées en minimisant la fonction d'énergie qui est basée principalement sur les équations Ginzburg-Landau avec les équations d'évolution non locales et la méthode des différences finies. Nous avons décrit également l'équation d'Euler-Lagrange associée, qui est une équation de diffusion non locale. Le dynamisme de ce système consiste à contrôler la procédure de détection par l'évolution temporelle de l'équation d'énergie dans le but de faire diminuer éventuellement les détails de l'arrière-plan tandis que les détails de la région d'intérêt sont très bien préservés. L'application de cet algorithme sur les images radiologiques pulmonaire de la COVID-19 sera l'objectif du chapitre suivant.

Chapitre 3

Analyse des résultats

3.1 Introduction

Dans ce chapitre, nous allons exécuter une application de l'algorithme basé sur un modèle à variation non locale sur une base de données des images tomодensitométriques du COVID-CT dans le but d'éventer les régions d'intérêt, retirant l'arrière-plan et gardant les propriétés apparentes. On débute le chapitre par la définition de la base de données utilisée dans cette étude ainsi que l'environnement du travail. Ensuite, la description de l'algorithme ainsi que les méthodes de classification. Enfin, on termine par l'analyse des résultats selon les critères d'évaluations définies.

3.2 Base de données

Pendant la période d'épidémie de COVID-19, la tomодensitométrie (CT) est un moyen utile pour diagnostiquer les patients COVID-19. En raison de problèmes de confidentialité, les ensembles de données CT COVID-19 accessibles au public sont très difficiles à obtenir, ce qui entrave la recherche et le développement de méthodes de diagnostic du COVID-19 alimentées par l'IA basées sur les CT (figure 3.1). Pour résoudre ce problème, la Société Italienne pour le Rayonnement Médical et interventionnel (SIRM) a fourni un ensemble de données open source -- COVID-CT, qui contient 349 images CT COVID-19 de 216 patients et 463 CT non-COVID-19. L'utilité de cet ensemble de données est confirmée par un radiologue senior qui diagnostique et traite des patients atteints de COVID-19 depuis le début de cette pandémie.

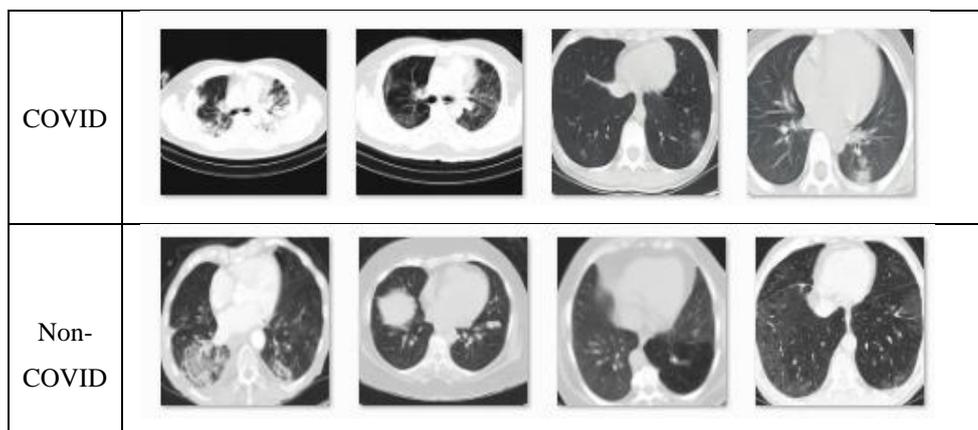


Figure 3.1 Echantillons des images de la radiographie de tomодensitométrie (CT)

Ces images CT ont des tailles différentes. La hauteur minimale, moyenne et maximale est de 153, 491, et 1853. Les largeurs minimum, moyenne et maximum sont 124, 383 et 1485. Ces les images proviennent de 216 cas de patients. Les patients hommes sont plus nombreux que les femmes, avec un nombre de 86 et 51, respectivement.

3.3 Description de l'algorithme

Nous avons utilisé le modèle à variation non local basé sur l'équation d'énergie, le filtrage p-Laplacien et la méthode de différences finies, pour la détection des régions d'intérêts dans des images radiologiques pulmonaires de la base de donnée COVID-CT. Ce modèle comme représenté sur la figure 3.2 consiste tout d'abord à mettre l'image originale au niveau de gris et l'initialiser en utilisant les équations (2.20) et (2.21) avec :

$L = 1$, si les régions d'intérêt est plus claire que l'arrière-plan dans l'image.

$L = 0$, si les régions d'intérêt est plus sombre que l'arrière-plan dans l'image.

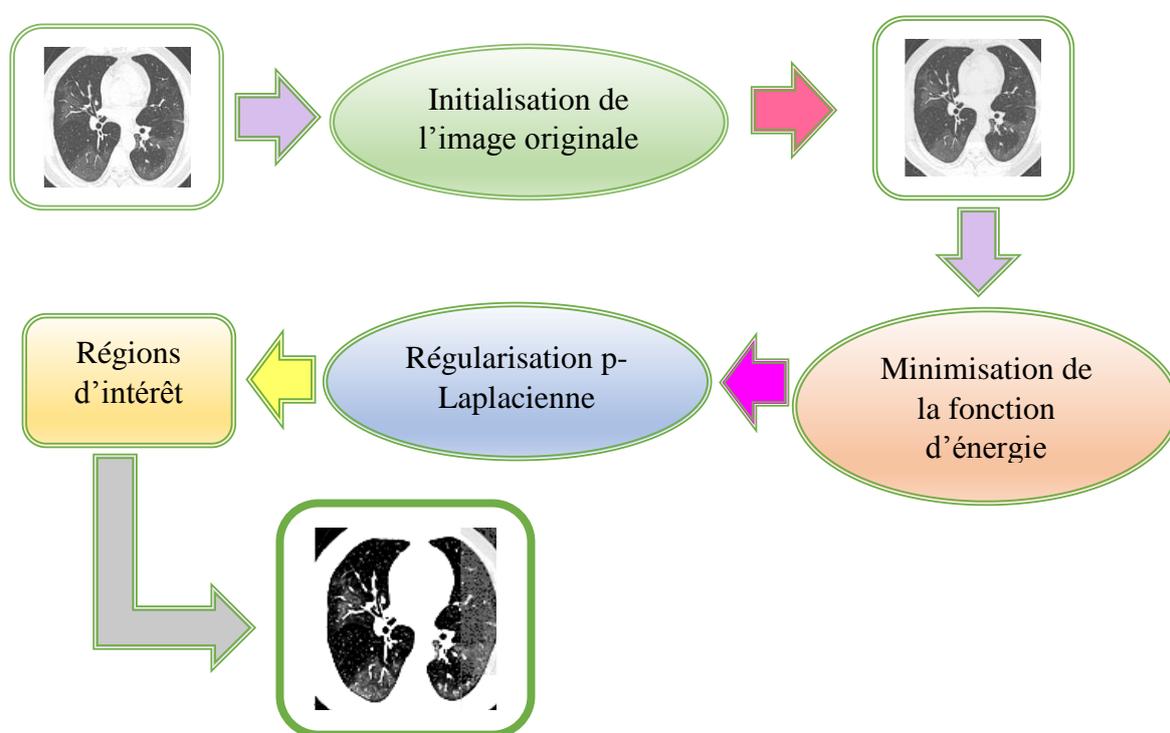


Figure 3.2 schéma fonctionnel pour la détection des régions d'intérêt.

Les images sont affichées par $\tilde{I} = (255 \cdot (\nu + 1))/2$, et l'état initial $\tilde{I}(x, 0) = \tilde{I}_0(x)$ correspond à l'image d'intensité $I(x)$. La raison pour laquelle nous utilisons \tilde{I} comme image des régions d'intérêt est que \tilde{I} est la remise à l'échelle de ν , qui est une diffusion anisotrope à partir des données initiales ν_0 , par les équations d'évolution (2.15). L'équation (2.24) est la solution d'équation d'évolution (2.15) après discrétisation en utilisant le schéma explicite des différences finies. Dans ce cas on a choisi les paramètres sous ces conditions: $0 < \varepsilon < 1$, $\lambda < 0.5$ ($\lambda = \Delta t / \Delta x^2$) et $p = 3$. Ces paramètres sont les entrées de l'algorithme itératif basé sur les équations (2.25) et (2.26).

3.4 Méthodes de classification

Les méthodes de classification cherchent à grouper les données de façon à obtenir des groupes tels que les données sont plus similaires entre elles à l'intérieur d'un même groupe qu'entre groupes. De nombreuses méthodes de classification automatique ont été développées. Dans notre travail, on a utilisé les méthodes classiques: le K plus proche voisin (k-NN) et support vector machine (SVM).

3.4.1 Knn (K nearest neighbor) le K plus proche voisin

L'algorithme KNN est l'un des plus simples de tous les algorithmes d'apprentissage automatique. Il s'agit d'un algorithme de classification supervisé, c'est-à-dire qu'il doit obligatoirement posséder un ensemble d'apprentissages auquel se référer durant tout le classement [34].

Pour trouver la classe d'un nouveau cas, cet algorithme se base sur le principe suivant : il cherche les k plus proches voisins de ce nouveau cas, ensuite, il choisit parmi les candidats trouvés le résultat le plus proche et le plus fréquent. Pour affecter un nouvel individu à une classe, l'algorithme cherche les k plus proches voisins parmi les individus déjà classés. Ainsi que l'individu est affecté à la classe qui contient le plus d'individus parmi les candidats trouvés [35].

- **Avantages de la méthode des k plus proches voisins :**

La méthode des k plus proches voisins représente des avantages tels que :

- L'algorithme KNN est robuste envers des données bruitées.
- La méthode des k plus proches voisins est efficace si les données sont larges et incomplètes.
- Cette méthode est l'une des plus simples de tous les algorithmes d'apprentissage automatique.[36]

- **Inconvénients de la méthode des k plus proches voisins :**

La méthode des k plus proches voisins comporte des inconvénients tels que :

- Le besoin de déterminer la valeur du nombre des plus proches voisins (le paramètre k).
- Le temps de prédiction est très long puisqu'on doit calculer la distance de tous les exemples.
- Cette méthode est gourmande en espace mémoire car elle utilise une grande capacité de stockage pour le traitement des corpus.

3.4.2 SVM (support vector machine)

SVM est une série d'algorithmes d'apprentissage automatique qui peut résoudre les problèmes de classification, de régression et de détection d'anomalies ; leur but est de diviser les données en catégories en utilisant des frontières aussi simples que possible, afin que la distance entre les différents groupes de données et la frontière qui les sépare soit maximisée. Cette distance est également appelée "marge", donc SVM est appelé "séparateur de marge large", Et "vecteur de support" qui est la donnée plus proche de la limite «la frontière ».La distance de la frontière avec le vecteur de support doivent être maximisés.

Afin de trouver cette fameuse frontière séparatrice, nous devons fournir des données d'entraînement SVM. Nous donnons à l'algorithme un ensemble de données dans lequel nous apprenons déjà ses deux classes. On entre alors dans la phase d'entraînement. Le SVM va déterminer la frontière la plus plausible. Après la phase d'entraînement, le SVM a appris où est l'emplacement de la frontière à partir des données d'entraînement. Ainsi qu'après plusieurs phases d'entraînement, le SVM sait où placer la frontière pour de nouvelles données.

- **Avantage des SVM**

Les SVM représentent plusieurs avantages, notamment ceux-ci :

- Elles ont une base théorique solide.[36]
- Les SVM sont efficaces dans les espaces de grande dimension.[35]
- Différentes fonctions noyau peuvent être spécifiées. [35]

- **Inconvénients des SVM**

Malgré leurs performances, les SVM représentent aussi des faiblesses, notamment celles-ci :

- Elles utilisent des fonctions mathématiques complexes pour la classification. [35]
- Les machines à support de vecteurs demandent un temps énorme durant les phases de test. [38]

3.5 Critères d'évaluation

Les méthodes de classification et le comportement des classifieurs dépendent du nombre d'échantillons par classe ainsi que de leur composition. Par conséquent, la sélection de la méthode la plus appropriée est dépendante des contraintes liées à l'application ciblée. Une solution consiste à exécuter une première sélection de méthodes, à les tester puis à réaliser une série d'évaluations. Les techniques d'analyse des données utilisent habituellement comme point de départ on appelle matrice de confusion ou tableau de contingence.

La matrice de confusion est utilisée pour résumer, décrire ou évaluer les performances d'une tâche ou d'un modèle de classification binaire.

Le concept clé de la matrice de confusion est qu'elle calcule le nombre de prédictions correctes et incorrectes, qui est ensuite résumée avec le nombre de valeurs de comptage et leur répartition dans chaque classe. On trouve ci-dessous la disposition des paramètres de la matrice de confusion :

| Matrice de Confusion | | réelle | |
|----------------------|--------------------------|--------------------------|--------------------------|
| | | Classe positive P | Classe négative N |
| prédit | Classe positive P | VP | FP |
| | Classe négative N | FN | VN |

Table 3.1 Matrice de confusion des prédictions d'un classifieur à deux classes.

- ✓ *Positive (P)* : le réel est positif.
- ✓ *Négative (N)* : la réalité n'est pas positive.
- ✓ *Vrai Positive (VP)* : la valeur réelle est positive et devrait être positive.
- ✓ *Faux Négative (FN)* : la valeur réelle est positive, mais prédite négative.
- ✓ *Vrai Négative (VN)* : le nombre réel est négatif et il est prévu que ce soit négatif.
- ✓ *Faux Positif (FP)* : le nombre réel est négatif, mais il est prédit positif.

Des critères de performances dérivent de cette matrice de confusion et permettent d'évaluer rapidement les performances de classification. Ces nouvelles métriques représentent des indications normalisées de ces performances sous forme d'un pourcentage. Il est ainsi possible d'analyser et de comparer les performances de différents classifieurs. Ces mesures sont les suivantes :

- **Sensibilité ou Rappel** : Proportion des solutions pertinentes correctement identifiées (taux de vrais positifs). Mesure la capacité du système à donner toutes les solutions pertinentes.

$$\text{Sensibilité} = \frac{VP}{VP+FN} \quad (3.1)$$

- **Spécificité** : Proportion de solutions négatives correctement identifiées (taux de vrais négatifs). Mesure la capacité du système à reconnaître toutes les situations négatives. C'est une mesure complémentaire de la sensibilité.

$$\text{Spécificite} = \frac{VN}{VN+FP} \quad (3.2)$$

- **Précision** : Proportion de solutions correctes parmi les prédictions positives. Mesure la capacité du système à refuser les solutions non-pertinentes.

$$Precision = \frac{VP}{VP+FP} \quad (3.3)$$

- **Robustesse, exactitude ou justesse** : Proportion des solutions correctes (positives et négatives) parmi toutes les prédictions. Mesure la capacité du système complet à donner toutes les solutions correctes.

$$Justesse = \frac{VP+VN}{VP+VN+FP+FN} \quad (3.4)$$

- **F-mesure** : Combine la précision et le rappel de par leur moyenne harmonique. Fourni une mesure favorisant soit le rappel soit la précision dans le cas d'une classification à partir de données non équilibrées.

$$F_{\beta} = \frac{(1+\beta^2)(Precision.Rappel)}{\beta^2.Precision.Rappel} \quad (3.5)$$

3.6 Analyse des résultats

Les résultats ont été obtenus par utilisation de 131 images CT COVID-19 et 228 images CT non-COVID-19 de la base de données des images radiographiques de la tomodensitométrie (section 3.2), ces images sont en niveau de gris et normalisées en taille de 128x128 pixels, et l'environnement de travail montré sur le tableau 3.2.

| Ordinateur | HP | DELL |
|------------------------|-----------------------------------|-----------------------------------|
| Processeur | Intel(R) Core(TM) i5-4310U CPU | Intel(R) Core(TM) i5-2540M CPU |
| Vitesse d'horloge | 2.60 GHz | 2.60 GHz |
| Capacité Mémoire(RAM) | 4,00 GB | 4,00 GB |
| Carte graphique | Intel®HD Graphics 4000 | Intel®HD Graphics 4000 |
| Capacité disque dur | 500 Go | 500 Go |
| Système d'exploitation | Windows 10 professionnel | Windows 7 professionnel |
| Logiciel de Simulation | MATLAB R2013a | MATLAB R2010a |

Tableau 3.2 Environnement du travail

A travers de nombreuses expériences, en changeant les paramètres d'entrées (le pas de temps Δt et la taille de maillage h) avec le respect des conditions citées en section 3.3.2 et selon la capacité de nos ordinateurs, nous avons obtenus les résultats des figures 3.3 et 3.4.

D'après les résultats obtenus, on peut remarquer l'élimination complète de l'arrière-plan, alors que les régions d'intérêt sont plus visibles lorsqu'on diminue le pas du temps à 0.1.

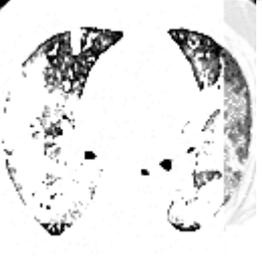
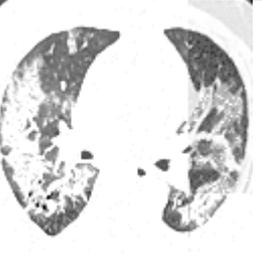
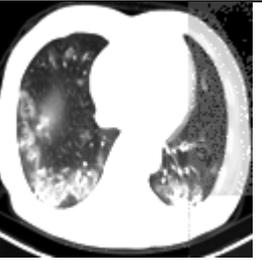
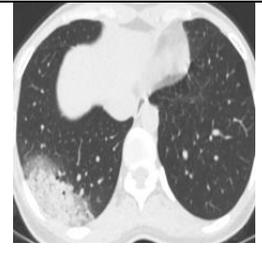
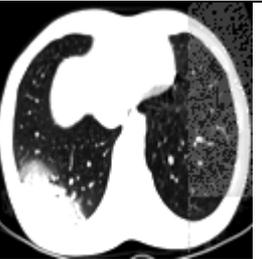
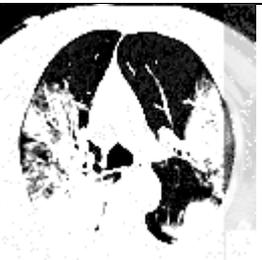
| Image originale | <i>Paramètres:</i> $K=0$ $p=3$ $\varepsilon=0.5$ $\lambda=0.1$ $\Delta t=0.5$ $h=32$ | <i>Paramètres:</i> $K=0$ $p=3$ $\varepsilon=0.5$ $\lambda=0.1$ $\Delta t=0.5$ $h=16$ | <i>Paramètres:</i> $K=0$ $p=3$ $\varepsilon=0.1$ $\lambda=0.1$ $\Delta t=0.1$ $h=32$ |
|---|---|---|---|
|  |  |  |  |
|  |  |  |  |
|  |  |  |  |
|  |  |  |  |

Figure 3.3 Résultats de segmentation pour les cas de COVID

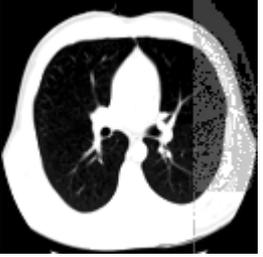
| Image originale | Paramètres: | | Paramètres: | | Paramètres: | |
|---|---|--|---|---------------|-------------------|---------------|
| | $L=0$ | $p=3$ | $L=0$ | $p=3$ | $L=0$ | $p=3$ |
| | $\varepsilon=0.5$ | $\lambda=0.1$ | $\varepsilon=0.5$ | $\lambda=0.1$ | $\varepsilon=0.1$ | $\lambda=0.1$ |
| | $\Delta t=0.5$ | $h=32$ | $\Delta t=0.5$ | $h=16$ | $\Delta t=0.1$ | $h=32$ |
|  |  |  |  | | | |
|  |  |  |  | | | |
|  |  |  |  | | | |
|  |  |  |  | | | |

Figure 3.4 Résultats de segmentation pour les cas de non-COVID

On remarque également que le système donne une meilleure performance lorsque le pas du temps est diminué à 0.1 pour le classifieur SVM (tableau 3.3), k-NN pour k=1 (tableau 3.4) et k-NN pour k=3 (tableau 3.5).

| | Image originale | <i>Paramètres:</i> $L=0$ $p=3$ $\varepsilon=0.5$ $\lambda=0.1$ $\Delta t=0.5$ $h=32$ | <i>Paramètres:</i> $L=0$ $p=3$ $\varepsilon=0.5$ $\lambda=0.1$ $\Delta t=0.5$ $h=16$ | <i>Paramètres:</i> $L=0$ $p=3$ $\varepsilon=0.1$ $\lambda=0.1$ $\Delta t=0.1$ $h=32$ |
|------------------|------------------------|---|---|--|
| VP | 0.5897 | 0.9231 | 0.9487 | 0.9231 |
| FP | 0.4103 | 0.0769 | 0.0513 | 0.0769 |
| FN | 0.1795 | 0.8974 | 0.8205 | 0.7179 |
| VN | 0.8205 | 0.1026 | 0.1795 | 0.2821 |
| Précision | 0.7051 | 0.5128 | 0.5641 | 0.6026 |

Tableau 3.3 Résultats de classification par SVM

| | Image originale | <i>Paramètres:</i> $L=0$ $p=3$ $\varepsilon=0.5$ $\lambda=0.1$ $\Delta t=0.5$ $h=32$ | <i>Paramètres:</i> $L=0$ $p=3$ $\varepsilon=0.5$ $\lambda=0.1$ $\Delta t=0.5$ $h=16$ | <i>Paramètres:</i> $L=0$ $p=3$ $\varepsilon=0.1$ $\lambda=0.1$ $\Delta t=0.1$ $h=32$ |
|------------------|------------------------|---|--|--|
| VP | 0.7863 | 0.7328 | 0.7099 | 0.8168 |
| FP | 0.2137 | 0.2672 | 0.2901 | 0.1832 |
| FN | 0.0229 | 0.0229 | 0.0388 | 0.0692 |
| VN | 0.9771 | 0.9771 | 0.9612 | 0.9308 |
| Précision | 0.8817 | 0.8550 | 0.8356 | 0.8738 |

Tableau 3.4 Résultats de classification par k -NN ($k=1$)

| | Image originale | <i>Paramètres:</i> $L=0$ $p=3$ $\varepsilon=0.5$ $\lambda=0.1$ $\Delta t=0.5$ $h=32$ | <i>Paramètres:</i> $L=0$ $p=3$ $\varepsilon=0.5$ $\lambda=0.1$ $\Delta t=0.5$ $h=16$ | <i>Paramètres:</i> $L=0$ $p=3$ $\varepsilon=0.1$ $\lambda=0.1$ $\Delta t=0.1$ $h=32$ |
|------------------|------------------------|--|--|--|
| VP | 0.7023 | 0.6412 | 0.6260 | 0.7863 |
| FP | 0.2977 | 0.3588 | 0.3740 | 0.2137 |
| FN | 0.0382 | 0.0687 | 0.0698 | 0.1846 |
| VN | 0.9618 | 0.9313 | 0.9302 | 0.8154 |
| Précision | 0.8321 | 0.7863 | 0.7781 | 0.8008 |

Tableau 3.5 Résultats de classification par k -NN ($k=3$)

D'après le tableau 3.6, on remarque que lorsque on diminue le pas du temps et la taille de maillage le nombre d'itérations et le temps de calcul augmentent.

| | <i>Paramètres:</i> $L=0$ $p=3$ $\varepsilon=0.5$ $\lambda=0.1$ $\Delta t=0.5$ $h=32$ | <i>Paramètres:</i> $L=0$ $p=3$ $\varepsilon=0.5$ $\lambda=0.1$ $\Delta t=0.5$ $h=16$ | <i>Paramètres:</i> $L=0$ $p=3$ $\varepsilon=0.1$ $\lambda=0.1$ $\Delta t=0.1$ $h=32$ |
|---------------------|---|---|---|
| Nombre d'itérations | 10 | 07 | 20 |
| Temps de calcul | 15mn | 40mn | 20mn |

Tableau 3.6 temps d'exécution pour chaque paramètre

3.7 Conclusion

Dans ce chapitre, nous avons appliqué notre algorithme basé sur la méthode de différence finie le des images radiologique de la tomодensitométrie des poumons pour estimation du COVID-19. Nous avons montré les critères de choix des paramètres d'entrées ainsi que les critères d'évaluation de notre méthode afin d'effectuer une classification des personnes atteintes du COVID-19. Les résultats obtenus montrent l'efficacité de ce modèle pour la détection des régions d'intérêts. De plus, la qualité de la détection dépend de la variation du pas de temps et la taille de maillage. Lorsque on diminue le pas du temps et la taille de maillage la qualité de la détection augmente et le temps de calcul augmente.

Conclusion générale

Conclusion générale

L'objectif principal de ce travail est d'estimer le diagnostic de la maladie COVID-19 par un algorithme qui détecte les régions d'intérêt sur les images de tomodensitométrie qui sont des images tyrannique englobant plusieurs chose et un arrière-plan obstrué, celui-ci une nouvelle méthode est collaborée pour la privation accentuelle de l'arrière-plan en sauvegardant les propriétés intéressantes de l'image, dans ce dernier en œuvre d'un modèle d'évolution à variation non local avisé de p-Laplacien non local et le modèle complexe de Ginzburg-Landau. Cette méthode est basée sur la méthode de différence finie des images radiologique de la tomodensitométrie des poumons par la base de données CT COVID-19.

En vue de cela, nous avons donné une explication du système respiratoire et de son importance dans le corps humain. Nous avons souligné la définition, l'historique et les symptômes de la maladie à coronavirus (COVID19) qui est une maladie respiratoire d'intensité légère à modérée et se rétablissent sans avoir besoin d'un traitement particulier. On a signifié les méthodes de diagnostic qui sont méthode biologique (RT-PCR) et les méthodes par imagerie qui jouent un rôle complémentaire dans le diagnostic du COVID-19. A partir d'images médicales, de nombreux efforts ont été consacrés au développement de méthodes d'apprentissage automatiques pour effectuer le dépistage des cas de Covid-19.

Dans la deuxième étape, nous avons exposé un modèle à variation non local pour la détection des régions d'intérêt sur des images fixes, à partir duquel diverses caractéristiques peuvent être détectées en minimisant la fonction d'énergie qui est basée principalement sur les équations Ginzburg-Landau avec les équations d'évolution non locales et la méthode des différences finies. Nous avons analysé l'équation d'Euler-Lagrange associée, qui est une équation de diffusion non locale. Le dynamisme de ce système consiste à contrôler la procédure de détection par l'évolution temporelle de l'équation d'énergie dans le but de faire diminuer éventuellement les détails de l'arrière-plan tandis que les détails de la région d'intérêt sont très bien préservés.

Finalement, nous avons appliqué notre algorithme basé sur la méthode de différence finie des images radiologique de la tomodensitométrie des poumons pour estimation du COVID-19. Nous avons montré les critères de choix des paramètres d'entrées ainsi que les critères d'évaluation de notre méthode afin d'effectuer une classification des personnes atteintes du COVID-19. Les résultats obtenus montrent l'efficacité de ce modèle pour la détection des régions d'intérêts. De plus, la qualité de la détection dépend de la variation du pas de temps et

la taille de maillage. Lorsque on diminue le pas du temps et la taille de maillage la qualité de la détection augmente et le temps de calcul augmente.

À travers les expérimentations qui ont été effectués dans le cadre de ce mémoire, nous avons mis en lumière des résultats significatifs :

- ✚ Deux avantages de ce modèle: Le premier avantage qu'il est applicable aux images de différentes dimensions, c'est à dire, il n'exige pas une taille fixe aux images d'entrées comme les méthodes d'apprentissage profond. Le deuxième, qu'il assure une bonne suppression d'arrière-plan.
- ✚ L'inconvénient majeur de ce dernier, qu'il exige un pas de maillage très petit pour avoir une bonne précision dont l'exécution de l'algorithme prend beaucoup de temps ce qui nécessite des machines de calcul très puissantes.

En perspective, on propose d'ajouter un autre algorithme à ce modèle qui assure l'amélioration des résultats de détection et la diminution du temps de calcul.

Références bibliographiques

Références bibliographiques

- [1] : BOUSQUET J P,ET AL, Comprendre la maladie asthmatique, Masson, 1999, vol 15
- [2] : Carillo, 2004. Histologie de l'appareil respiratoire – Voies aériennes profondes. Faculté de Médecine Montpellier-Nîmes, 31p
- [3] : DOUTRELOUX J P, Physiologie et Biologie du sport, édition Vigot, 1998, 230p
- [4] : GUENARD H ET AL. Physiologie Humaine, édition Pradel, Paris, p144-146, (1991)
- [5] : Livre d'Anatomie et Physiologie Humaines, Elaine Nicpon Marieb, 1981
- [6] : Dr Ruidant. Biologie, anatomie, physiologie. Cour. Bruxelles : Institut Supérieur de Soins Infirmiers GALILEE. 2013- 2014
- [7] : Jamai Amir I,et al Covid-19: virologie, épidémiologie et diagnostic biologique. Option/Bio. 1 juill 2020;31(619):15-20.
- [8] : Alanagreh.L ,et al. « The human coronavirus disease COVID-19: its origin, characteristics, and insights intopotentialdrugs and its mechanisms,Pathogens, vol. 9, p. 331,
- [9]: Subramanian.B, et al. Novel 2019 coronavirus structure, mechanism of action, antiviral drug promises and rule out against its treatment. Journal of biomolecular structure and dynamics.
- [10] : <https://www.biopyrenees.com/coronavirus-covid-19/>
- [11] : Huang, C et al., 2020. Clinical features of patients infected with 2019 novel coronavirus in Wuhan, China. The Lancet, 395(10223), p.497-506
- [12] : Lu, H., 2020. Drug treatment options for the 2019-new coronavirus (2019-nCoV). BioScience 51 Trends, 14(1), p.69-71
- [13] : Wang, W.,et al., 2020. Updated understanding of the outbreak of 2019 novel coronavirus (2019-nCoV) in Wuhan, China. Journal of Medical Virology, 92(4), p.441- 447.
- [14] : Bassetti, M.,et al., 2020. The novel Chinese coronavirus (2019-nCoV) infections : Challenges for fighting the storm. European Journal of Clinical Investigation, 50(3).
- [15]: LUAN, et al. Enhanced binding of the N501Y-mutated SARS-CoV-2 spike protein to the human ACE2 receptor: insights from molecular dynamics simulations. FEBS letters, 2021

- [16]: GREANEY, , et al. Complete mapping of mutations to the SARS-CoV-2 spike receptor-binding domain that escape antibody recognition. *Cell host & microbe*, 2021, vol. 29, no 1, p. 44-57. e9.
- [17]: KHAVARI,, et al. SARSCoV-2 B. 1.1. 7 and B. 1.351 Spike variants bind human ACE2 with increased affinity. *BioRxiv*, 2021.
- [18]: ZHANG,, et al. Emergence of a novel SARS-CoV-2 variant in Southern California. *Jama*, 2021, vol. 325, no 13, p. 1324-1326
- [19]: GUO, et al. The Genetic Variant of SARS-CoV-2: would It Matter for Controlling the Devastating Pandemic?. *International journal of biological sciences*, 2021, vol. 17, no 6, p. 1476.
- [20]: To K. K.et al. (2020). Temporal profiles of viral load in posterior oropharyngeal saliva samples and serum antibody responses during infection by SARS-CoV-2: an observational cohort study. *The Lancet Infectious Diseases*, Vol. 20(5), pp. 565-574.
- [21] : Li X., et al. (2020). Molecular immune pathogenesis and diagnosis of COVID-19. *Journal of Pharmaceutical Analysis*, Vol. 10(2), pp. 102-108.
- [22] : Li Z., et al. (2020). Development and Clinical Application of A Rapid IgM-IgG Combined Antibody Test for SARS-CoV-2 Infection Diagnosis. *Journal of Medical Virology*, pp. 1-7
- [23]: Banerjee S., et al. (2020). Decoding the lethal effect of SARS-CoV-2 (novel coronavirus) strains from global perspective: molecular pathogenesis and evolutionary divergence. *bioRxiv* 2020.04.06.027854 [Preprint].
- [24]: Lai C.-C.,et al. (2020). Severe acute respiratory syndrome coronavirus 2 (SARS-CoV-2) and coronavirus disease-2019 (COVID-19): The epidemic and the challenges. *International Journal of Antimicrobial Agents*, Vol. 55(3), p. 105924
- [25] : Li K., et al. The Clinical and Chest CT Features Associated With Severe and Critical COVID-19 Pneumonia. *Invest Radiol*. 2020 Jun;55(6):327-331
- [26] : Shi H, et al. Radiological findings from 81 patients with COVID-19 pneumonia in Wuhan, China: a descriptive study. *Lancet Infect Dis*. 2020;20(4):425-434

- [27] : Lodé B, Jalaber C, Orcel T, Morcet-Delattre T, Crespin N, Voisin S, et al. Imagerie de la pneumonie COVID-19. *Journal D'Imagerie Diagnostique et Interventionnelle*. 2020 Sep; 3(4):249-258
- [28]: Canadian Society of Thoracic Radiology, Canadian Association of Radiologists. Déclaration de consensus de la CSTR et de la CAR au sujet de l'imagerie thoracique dans les cas suspectés ou confirmés de COVID-19, 22 avril 2020. CSTR, CAR ; 2020
- [29] : G. Aubert, J. F. e al, "Detecting codimension-two objects in an image with Ginzburg-Landau models," *International Journal of Computer Vision*, vol. 65, no. 1-2, pp. 29–42, 2005.
- [30] : H. Grossauer and O. Scherzer, "Using the complex Ginzburg-Landau equation for digital inpainting in 2D and 3D," *Lecture Notes in Computer Science*, vol. 2695, pp. 225–236, 2003.w
- [31]: Y. Zhan, "The nonlocal p -Laplacian evolution for image interpolation," *Mathematical Problems in Engineering*, vol. 2011, Article ID 837426, 11 pages, 2011.
- [32]: F. Andreu, et al, "A nonlocal p -Laplacian evolution equation with Neumann boundary conditions," *Journal de Mathématiques Pures et Appliquées*, vol. 90, no. 2, pp. 201–227, 2008.
- [33]: Saravanan Thirumuruganathan. A detailed introduction to k-nearest neighbor (KNN) algorithm, Article, may 2010.
- [34]: H.Hilali. Application de la classification textuelle pour l'extraction des règles d'association maximales. Thèse de maîtrise en informatique, université du Québec à TroisRivières, 2009.
- [35]: Thirumuruganathan, s., a detailed introduction to k-nearest neighbor (knn) algorithm, may 2010.
- [36] : Learn, s., support vector machines <https://scikit-learn.org/stable/modules/svm.html>.
- [37] : Statista. Nombre de décès dus au coronavirus (COVID-19) par pays du monde 16 décembre 2020 [En ligne]. 2020 [Citation : 16 Décembre 2020.] Disponible sur : <https://fr.statista.com/statistiques/1101324/morts-coronavirus-monde/>.
- [38] : Harrison A. et al. Mechanisms of SARS-CoV-2 Transmission and Pathogenesis. *Trends Immunol*. 2020, Vol. 41, 12 , pp. 1100–1115.
- [39] : Zhu N., et al. A Novel Coronavirus from Patients with Pneumonia in China, 2019. *N. Engl. J. Med*. 2019, Vol. 382, 8, pp. 727-733.

annexe

Annexe

Équation P-Laplacien

Equation différentielle le plus important de l'ordre second est l'équation de Laplace célèbre. C'est le prototype de l'équation elliptique linéaire. Il est moins connu, qu'il a aussi une contrepartie non-linéaire, la soi-disant P- Laplace équation, dépendant d'un paramètre. L'équation p-Laplace a été beaucoup étudiée au cours des cinquante dernières années et sa théorie est maintenant assez développées...certains problèmes difficiles restent ouvert.

L'équation de Laplace $\Delta u = 0$ ou :

$$\frac{\partial^2 u}{\partial x^2} + \frac{\partial^2 u}{\partial y^2} + \dots + \frac{\partial^2 u}{\partial z^2}$$

Est l'équation d'Euler-Lagrange pour l'intégrale de Dirichlet $D(u)$:

$$D(u) = \int_{\Omega} |\nabla u|^2 dx dy \dots dz = \int_{\Omega} \dots \int \left[\left(\frac{\partial u}{\partial x} \right)^2 + \left(\frac{\partial u}{\partial y} \right)^2 + \dots + \left(\frac{\partial u}{\partial z} \right)^2 \right] dx dy \dots dz$$

Si on considère une puissance p telle que:

$$I(u) = \int_{\Omega} |\nabla u|^p dx dy \dots dz = \int_{\Omega} \dots \int \left[\left(\frac{\partial u}{\partial x} \right)^2 + \left(\frac{\partial u}{\partial y} \right)^2 + \dots + \left(\frac{\partial u}{\partial z} \right)^2 \right]^{p/2} dx dy \dots dz$$

L'équation d'Euler-Lagrange correspondante devient:

$$\operatorname{div}(|\nabla u|^{p-2} \nabla u) = 0$$

L'opérateur associé l'équation du p -Laplacien sera défini par:

$$\Delta_p u = \operatorname{div}(|\nabla u|^{p-2} \nabla u)$$

Deux cas limites se présentent [65] pour:

- $p = 2$: On retrouve le Laplacien qui rend compte d'une diffusion isotrope et qui ne prend pas en compte la structure de l'image et qui engendre la disparition des contours et qui par conséquence rend l'image de plus en plus floue.
- $p = 1$: On retrouve un terme qui rend compte d'une diffusion anisotrope et qui dépend de l'amplitude totale des oscillations d'une image. Cette diffusion à l'avantage de ne pas pénaliser les discontinuités qui caractérisent les contours dans l'image et de supprimer les oscillations, avec l'inconvénient de créer l'effet d'escalier connus sous le nom "*staircase-effect*".

Résumé :

Dans notre travail, nous avons affronté l'objet de localisation des régions d'intérêt des images radiologique des poumons de la base de données CT COVID-19 mettre au point sur un modèle à variation non-locale basé sur la méthode de différence finie. Les résultats obtenus montrent l'efficacité de ce modèle pour la détection des régions d'intérêt. De plus, cette méthode a donné des résultats intéressants.

ملخص:

في عملنا ، واجهنا موضوع تحديد مناطق الاهتمام بالصور الإشعاعية لرتتي قاعدة بيانات CT COVID-19 لتطوير نموذج تباين غير محلي يعتمد على طريقة الفروق المحدودة. تظهر النتائج التي تم الحصول عليها كفاءة هذا النموذج في الكشف عن مناطق الاهتمام. علاوة على ذلك ، أعطت هذه الطريقة نتائج مثيرة للاهتمام.

Abstract:

In our work, we addressed the object of localization of the regions of interest of the radiological images of the lungs of the CT COVID-19 database to develop on a non-local variation model based on the finite difference method. The results obtained show the efficiency of this model for the detection of regions of interest. Moreover, this method gave interesting results.