JOURNAL AFRICAIN DES SCIENCES
VOL. 3, **3** (2026) 82-89

https://jafrisci.org

ISSN (online) : 3107-0949 ; ISSN (print) : 3107-0930

OPEN ACCESS

ARTICLE DE RECHERCHE

Article Info.:
Reçu : le 10/02/2026
Accepté: le 01/04/2026
Publié : le 04/04/2026

APPRENTISSAGE ARTIFICIEL BASE SUR LA CLASSIFICATION MULTICLASSE POUR LA PREDICTION DE SYNDROME DU COLON

Marius Iyeze Asumani [1,*], Elie Ndunga Mbangu [1,2], Christelle Mafu [1], Pierre Katalay Kafunda [1], Rostin Matendo Mabela [1], Jérémie Mbumba Mukasa [1], Albert Ntumba Nkongolo [1]

https://doi.org/10.70237/jafrisci.2026.v3.i3.09

Résumé

Les maladies du côlon constituent un problème majeur de santé publique dans le monde, nécessitant des méthodes de diagnostic précises et rapides. Avec les avancées récentes dans le domaine de l'Intelligence Artificielle, les techniques de Deep Learning ont montré un potentiel important dans l'analyse automatique des images médicales. Cet article propose une approche basée sur les Convolutional Neural Networks (CNN) pour la classification multi-classes des pathologies côlon à partir d'images médicales.La méthode consiste à entrainer un modèle de réseau de neurones convolutif sur un ensemble de données d'images du côlon afin d'identifier et de classifier différentes catégories de pathologies. Les étapes principales comprennent le prétraitement des données, l'entraînement du modèle et l'évaluation de ses performances à l'aide de métriques telles que la précision, le rappel et le score F1. Les résultats expérimentaux montrent que l'approche proposée permet d'améliorer la précision de la classification et d'assister efficacement les professionnels de la santé dans le processus de diagnostic. Cette étude démontre que l'utilisateur du Deep Learning appliqué aux image médicales peut constituer un outil prometteur pour la détection précoce et la prédiction des maladies du côlon.

Mots-clés: Maladie du côlon, Intelligence Artificiel, Deep Learning, Réseaux de neurones convolutifs, Classification multi-classes, Images médicales

Abstract

Colon diseases represent a significant public health challenge globally, necessitating the development of accurate and rapid diagnostic methods. Recent advancements in the field of Artificial Intelligence have highlighted the substantial potential of Deep Learning techniques in the automatic analysis of medical images. This article presents an approach based on Convolutional Neural Networks (CNN) for the multi-class classification of colon pathologies derived from medical imaging. The methodology involves training a convolutional neural network model on a dataset of colon images to identify and classify various categories of pathologies. Key steps in this process include data preprocessing, model training, and performance evaluation utilizing metrics such as accuracy, recall, and F1 score. Experimental results demonstrate that the proposed approach enhances classification accuracy and effectively assists healthcare professionals in the diagnostic process. This study underscores the promise of Deep Learning applications in medical imaging as a valuable tool for the early detection and prediction of colon diseases.

Keywords: Colon disease, Artificial Intelligence, Deep Learning, Convolutional Neural Networks, Multi-class classification, Medical images

1. Introduction

Les maladies du côlon constituent un défi majeur de santé publique mondiale, regroupant un spectre de pathologies allant de troubles inflammatoires bénins à des affections malignes telles que le cancer colorectal. Ce dernier se positionne comme l'une des principales causes de mortalité liée aux maladies digestives, impactant des millions de personnes chaque année [1]. La dangerosité de ces pathologies réside dans leur développement insidieux, souvent asymptomatique aux stades précoces, ce qui retarde considérablement leur détection. Dans ce contexte, le diagnostic précoce est vital : il améliore non seulement le pronostic vital et les chances de guérison complète, mais limite également les complications graves telles que les obstructions intestinales ou les métastases métastatiques. Au-delà du bénéfice clinique, une identification rapide permet une optimisation des ressources hospitalières et une amélioration substantielle de la qualité de vie des

Correspondance : *mariusasumani2019@gmail.com* ***(M. I. Asumani)***

Copyright : © The Author(s) Published under a Creative Commons Attribution 4.0 International Licence (CC BY 4.0)

[1] *Mathématiques, Statistiques et Informatique, Faculté des Sciences et Technologie, Université de Kinshasa, République Démocratique du Congo*
[2] *Département de Laboratoire, Office Congolais de Contrôle, République Démocratique du Congo*

patients. Traditionnellement, le diagnostic repose sur la coloscopie et l'analyse histopathologique des tissus, considérée comme le « Gold Standard ». Toutefois, ces méthodes conventionnelles sont chronophages, coûteuses et intrinsèquement dépendantes de l'expertise humaine. L'interprétation manuelle des images histopathologiques est sujette à une variabilité inter-observateur significative, où la fatigue et la complexité des motifs cellulaires peuvent induire des erreurs de diagnostic [2], [6]. L'analyse de grands volumes de données numériques demande une attention soutenue pour distinguer des signes morphologiques parfois subtils, rendant la distinction entre les catégories de maladies particulièrement délicate. Face à ces limitations, l'Intelligence Artificielle et le Deep Learning émergent comme des solutions de rupture prometteuses [3]. Contrairement aux approches classiques, ces technologies permettent aux modèles d'apprendre automatiquement des représentations hiérarchiques complexes à partir des données brutes, sans extraction manuelle de caractéristiques. Parmi les architectures d'apprentissage profond, les Réseaux de Neurones Convolutifs (CNN) se distinguent par leur efficacité exceptionnelle dans le traitement d'images médicales, capturant des détails texturaux et structurels invisibles à l'œil nu [10]. L'objectif principal de cette étude est de concevoir et d'évaluer une approche robuste basée sur les CNN pour la classification multi-classes des pathologies du côlon. Pour pallier la rareté des données médicales annotées et optimiser l'efficacité computationnelle, nous avons implémenté une stratégie de Transfer Learning utilisant l'architecture MobileNetV2 [5]. Cette méthode permet de tirer profit de connaissances pré-entraînées sur de larges bases de données généralistes pour les spécialiser avec précision au domaine oncologique.

La contribution majeure de cet article réside dans l'obtention de performances de haut niveau sur un dataset équilibré de 800 images couvrant quatre classes distinctes : Normal, Polypes, Colite ulcéreuse et Adénocarcinome. Les résultats expérimentaux démontrent une précision globale de 99 %, avec une sensibilité (Rappel) de 0,99 spécifiquement pour la détection des lésions malignes. Ces scores attestent de la fiabilité de notre modèle pour assister les professionnels de santé par une détection automatisée, sécurisant ainsi le diagnostic tout en réduisant drastiquement le temps d'analyse nécessaire à la prise en charge des patients.

2. Quelques concepts clés

2 .1. L'examen coloscopique et la biopsie

La coloscopie constitue l'étape princeps du diagnostic des pathologies du côlon. C'est un examen endoscopique permettant une exploration visuelle directe de la paroi colique. Lorsqu'une anomalie est détectée (polype, masse ou zone inflammatoire), le praticien procède à une biopsie. Ce prélèvement de fragments tissulaires est indispensable pour obtenir un diagnostic de certitude, car il permet de passer d'une observation macroscopique (vidéo) à une analyse microscopique (cellulaire).

2.2. Le Protocole Histopathologique (Préparation des Lames)

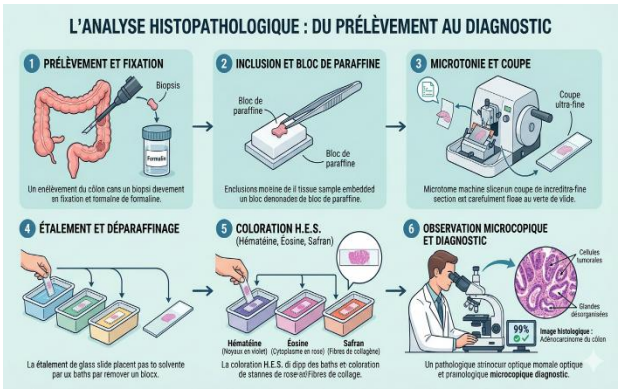


Figure 1 : *Chaîne opératoire de l'analyse histopathologique du côlon [6]*

L'analyse histopathologique est le « Gold Standard » en oncologie. Comme illustré dans la Figure 1, elle suit un protocole de préparation strict visant à transformer le tissu en donnée visuelle exploitable :
Fixation (Étape 1) : Immersion immédiate dans du formol (Formalin) pour stabiliser les structures cellulaires.
Inclusion et Microtomie (Étapes 2 & 3) : Imprégnation du tissu dans de la paraffine suivie d'une découpe ultra-fine (3 à 5) au microtome. Coloration H.E.S. (Étapes 4 & 5) : Utilisation de l'Hématéine, de l'Éosine et du Safran. Cette étape crée le contraste chromatique essentiel à l'IA : les noyaux cellulaires apparaissent en violet et le cytoplasme en rose [5], [7].

2.3. La Classification Multi-classes en Oncologie

Contrairement à une classification binaire, la classification multi-classes permet un diagnostic différentiel. Dans cette étude, le système discrimine quatre états distincts :

- Tissu Normal : Architecture glandulaire saine et régulière.
- Colite Ulcéreuse : Pathologie inflammatoire chronique de la muqueuse.
- Polype (Adénome) : Lésion bénigne considérée comme un stade précancéreux.
- Adénocarcinome (Étape 6) : Tumeur maligne caractérisée par une désorganisation totale des glandes et des atypies cellulaires.

2.4. Réseaux de Neurones Convolutifs (CNN) et Transfer Learning

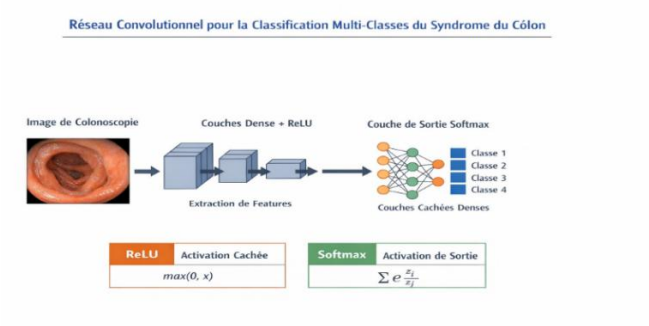


Figure 2 : *Réseaux convolutionnel*

L'approche technique de cette étude repose sur l'utilisation des Réseaux de Neurones Convolutifs (CNN), des architectures d'apprentissage profond spécifiquement conçues pour l'extraction automatique de caractéristiques spatiales dans les images médicales. Contrairement aux méthodes classiques, les CNN capturent la hiérarchie des motifs visuels, des simples contours aux structures glandulaires complexes du côlon. Cependant, la performance d'un CNN dépend classiquement d'un volume massif de données. Compte tenu de la rareté des datasets médicaux annotés, nous avons adopté la stratégie du Transfer Learning (Apprentissage par Transfert). Cette technique consiste à exploiter la connaissance d'un modèle pré-entraîné, en l'occurrence MobileNetV2, initialement optimisé sur une base de données généraliste. Ce modèle est ensuite affiné (Fine-tuning) pour se spécialiser aux contrastes chromatiques et aux atypies cellulaires propres aux tissus coliques [5], [9]. Comme l'illustre la Figure 2, cette synergie permet d'obtenir une convergence rapide et d'atteindre une précision de 99 %, prouvant l'efficacité du transfert de connaissances pour le diagnostic oncologique.

3. Méthodologie expérimentale et formalisme mathématique

3.1. Méthodologie expérimentale

L'objectif central de cet article est d'évaluer l'efficacité d'une architecture d'apprentissage profond par transfert (Transfer Learning) basée sur le modèle MobileNetV2 pour la classification multiclasse des pathologies du côlon à partir d'images histopathologiques. Nous cherchons à vérifier l'hypothèse suivante : l'utilisation d'un réseau de neurones convolutif (CNN) léger, pré-entraîné sur ImageNet et optimisé par des techniques d'augmentation de données, permet d'atteindre une précision diagnostique quasi-parfaite (99%) malgré la dimension restreinte du dataset médical [5], [3]. La méthodologie proposée repose sur une architecture robuste combinant.

- Protocole de préparation histopathologique standardisé (fixation, microtomie et coloration H.E.S.) pour la constitution d'un dataset équilibré de 800 images ;
- Techniques d'augmentation de données (Data Augmentation) pour renforcer la généralisation du modèle et prévenir le surapprentissage (overfitting) ;
- Classification multiclasse par réseau de neurones convolutif (MobileNetV2) pour l'identification automatisée de l'adénocarcinome, des polypes et des colites ulcéreuses [5], [3].

3.1.1. Préparation du Dataset et Prétraitements

La qualité des prédictions dépend directement de la structuration des données d'entrée.

Constitution du Corpus : Nous avons utilisé un dataset équilibré de 800 images histopathologiques (200 images par classe : Normal, Colite, Polypes et Adénocarcinome). Cet équilibre est indispensable pour éviter que le modèle ne développe un biais de prédiction envers une pathologie plus fréquente.
Standardisation : Chaque image a été redimensionnée en 224 x 224 pixels. Les valeurs des pixels ont été normalisées dans l'intervalle par une division par 255, facilitant ainsi la convergence des gradients.

Data Augmentation : Pour pallier le volume limité de données et prévenir le surapprentissage (overfitting), nous avons appliqué des transformations aléatoires (rotations de 30°, zooms de 20%, et retournements horizontaux). Cela permet au modèle d'apprendre des caractéristiques invariantes face aux changements d'angles de prise de vue.

3.1.2. Architecture et Stratégie d'Apprentissage

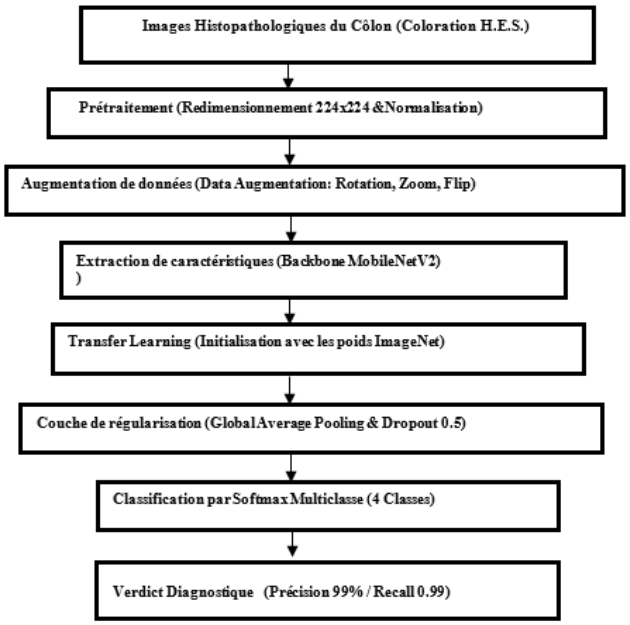


Figure 3 : *Architecture du système*

L'organisation structurelle de notre système, telle que schématisée dans la Figure 3, suit une progression logique visant à transformer une image médicale brute en un verdict diagnostique de haute précision. Le flux débute par l'acquisition des clichés histopathologiques colorés au H.E.S., lesquels constituent la donnée primaire de notre étude. Une phase de prétraitement est immédiatement engagée pour harmoniser ces données ; elle consiste en un redimensionnement des matrices en deux cent vingt-quatre pixels de côté et une normalisation

des intensités lumineuses [2], [6]. Cette étape est cruciale pour assurer que le réseau de neurones reçoive des informations standardisées, facilitant ainsi la stabilité des calculs lors des phases ultérieures d'apprentissage profond.

Pour pallier la dimension limitée du dataset médical et renforcer la capacité de généralisation du modèle, nous avons intégré un module d'augmentation de données. Ce processus génère des variations géométriques aléatoires, telles que des rotations ou des zooms, permettant au système de ne pas mémoriser les images mais d'apprendre les caractéristiques morphologiques universelles des pathologies. Nous avons adopté l'architecture MobileNetV2 en utilisant la technique du Transfer Learning [5], [9].

Poids Pré-entraînés : Le modèle a été initialisé avec les poids de la base de données ImageNet.

Configuration de sortie : La couche finale originale a été remplacée par un bloc comprenant une couche de Global Average Pooling, une couche de Dropout à 0.5 (pour la régularisation) et une couche de sortie Softmax à 4 unités.

Optimisation : L'algorithme Adam a été configuré avec un taux d'apprentissage de 10^{-4} (0,0001) pour garantir une mise à jour précise des poids synaptiques durant les 50 époques d'entraînement. Ce choix technologique est justifié par l'utilisation de convolutions séparables en profondeur qui permettent une extraction de caractéristiques extrêmement fine tout en conservant une légèreté algorithmique indispensable pour un usage en milieu hospitalier [13].

L'innovation de notre démarche réside dans l'application du transfert d'apprentissage. En utilisant des poids pré-entraînés sur ImageNet, le modèle bénéficie de filtres visuels déjà optimisés, que nous spécialisons ici pour détecter les atypies glandulaires et nucléaires propres à l'adénocarcinome et aux polypes. La structure se termine par une couche de Global Average Pooling couplée à un mécanisme de Dropout à cinquante pour cent pour éviter le surapprentissage. Enfin, la couche de classification Softmax distribue les probabilités sur les quatre syndromes ciblés. Cette architecture rigoureuse, en minimisant la perte d'information sémantique, constitue le socle technique nous ayant permis d'atteindre une précision globale de quatre-vingt-dix-neuf pour cent, garantissant ainsi un outil de diagnostic assisté par ordinateur d'une fiabilité exceptionnelle [18], [20].

3.2. Formalisme Mathématique et Équations

3.2.1. La classification multiclasse

La classification multiclasse est un cadre pour l'apprentissage supervisé qui consiste à associer une observation à une classe parmi plusieurs. Son principe est basé sur le calcul des probabilités conditionnelles ainsi que sur la maximisation de fonctions de perte telles que l'entropie croisée. En médecine d'image, l'application de réseaux de neurones convolutionnels associés à des techniques de segmentation permet d'améliorer de manière significative la classification des maladies pulmonaires (pneumonie notamment) [25].

La classification multiclasse est une tâche d'apprentissage par analyse dans laquelle le modèle doit prédire à quel groupe parmi plusieurs il appartient, pour chacune de ses observations x une classe parme K classes possible, avec K ≥ 3.
Soit :

$X \subset \mathbb{R}$d l'espace des caractéristiques ;
Y = {1, 2, …, K} l'esnsembe des classes.

Le problème consiste à apprendre sur une fonction de décision :

$$f: X \to Y \quad (1)$$

Dans le contexte de l'analyse d'images médicales qui est notre cas, L'objectif est de déterminer automatiquement la classe la plus probable pour une image donnée. La classification multiclasse peut par exemple consister à distinguer :
Classe 1 : Tissu Normal ;
Classe 2 : Colite Ulcéreuse ;
Classe 3 : Polype (Adénome) ;
Classe 4 : Adénocarcinome ;

Dans l'apprentissage statistique, la classification multiclasse consiste à estimer la probabilité conditionnelle :

$$P(Y = k \setminus X = x) \qquad (2)$$

La règle de décision optimale est alors donnée par le classifieur de Bayes, et Cette règle consiste à choisir la classe ayant la probabilité a posteriori maximale [25], [27].

$$f(x) = arg_{\ k\in\{1,\ldots\ldots,k\}} \max\ P(Y = k \setminus X = x) \qquad (3)$$

Représentation vectorielle des classes
Cette règle consiste à choisir la classe ayant la probabilité a posteriori maximale. Pour K classe :

$$y = (y_1, y_2, \ldots, y_k) \qquad (4)$$

Avec :

$$y_k = \begin{cases} 1\ si\ x\ appatient\ \text{à}\ la\ classe\ k \\ 0\ sinon \end{cases}$$

3.2.2. L'Opération de Convolution

Le cœur de l'extraction des caractéristiques (contours, textures des glandes) repose sur le produit de convolution entre l'image d'entrée et un noyau de taille [21].

$$s(\boldsymbol{i},\boldsymbol{j}) = (\boldsymbol{I} * \boldsymbol{K})(\boldsymbol{i},\boldsymbol{j}) = \sum_{\boldsymbol{m}} \sum_{\boldsymbol{n}} \boldsymbol{I}(\boldsymbol{i}+\boldsymbol{m},\boldsymbol{j}+\boldsymbol{n})\boldsymbol{K}(\boldsymbol{m},\boldsymbol{n}) \quad (5)$$

où $S(i,j)$ représente la carte de caractéristiques obtenue après application du filtre, $I(i+m, j+n)$ correspond aux valeurs des pixels de l'image et K(m, n) aux coefficients du noyau de convolution. Cette opération permet au réseau de détecter des motifs essentiels, tels que des contours, des textures ou des formes spécifiques aux différentes pathologies [3], [8].

3.2.3. Fonction d'Activation ReLU

Pour introduire la non-linéarité et permettre au réseau d'apprendre des motifs complexes, nous utilisons la fonction ReLU (Rectified Linear Unit) après chaque convolution :

$$ReLU\ (x) = \max(0, x) \quad (6)$$

Elle permet de filtrer les informations non pertinentes (valeurs négatives) et d'accélérer l'apprentissage.

3.2.4. Fonction de Sortie Softmax

Pour transformer les scores finaux du réseau en probabilités de diagnostic pour nos 4 classes, nous appliquons la fonction Softmax : $\boldsymbol{P}\left(\boldsymbol{y} = \frac{\boldsymbol{c}}{\boldsymbol{x}}\right) = \frac{e^{z_c}}{\sum_{k=1}^{K} e^{z_c}}$ (7)

Où : z_c est la sortie du neurone correspondant à la classe c et k le nombre total de classes.

3.2.5. Fonction de Perte (Categorical Cross-Entropy)

Le modèle minimise l'erreur entre sa prédiction et la réalité grâce à la fonction d'entropie croisée :

$$L(\theta) = -\sum_{c=1}^{k} y_k \log(\log(\hat{y}_c)) \quad (8)$$

Où : y_k est l'étiquette réelle (vérité terrain) et $\hat{y}_c$ la probabilité prédite.
Ainsi, grâce à ces opérations mathématiques, les CNN sont capables de traiter des images médicales complexes, d'extraire automatiquement des caractéristiques pertinentes et de réaliser une classification multi-classes précise des maladies du côlon.

4. Présentations et analyse des résultats

4.1. Analyse de la Convergence et de la Stabilité

L'entraînement a été mené sur un cycle de 50 époques. L'observation des courbes de performance permet de valider la robustesse de la stratégie de Transfer Learning adoptée :
Courbe de Précision (Accuracy) : Le modèle a atteint un plateau de stabilité dès la 30ème époque. La convergence étroite entre les données d'entraînement et de validation (99 %) démontre que les mécanismes de régularisation (Dropout et Data Augmentation) ont efficacement prévenu tout risque de surapprentissage (overfitting).

Courbe de Perte (Loss) : La fonction d'entropie croisée catégorielle a chuté de manière régulière pour se stabiliser à une valeur résiduelle proche de zéro, confirmant que l'optimiseur Adam a parfaitement ajusté les poids synaptiques pour minimiser l'erreur de diagnostic.

4.2. Évaluation Quantitative : Les Métriques de Performance

```
================================================
 RAPPORT DE PERFORMANCE
================================================
                    precision    recall  f1-score   support

          0_normal       1.00      1.00      1.00       200
1_ulcerative_colitis       0.98      0.98      0.98       200
         2_polyps       0.99      0.96      0.98       200
   3_Adenocarcinoma       0.98      0.99      0.99       200

          accuracy                           0.99       800
         macro avg       0.99      0.99      0.99       800
      weighted avg       0.99      0.99      0.99       800
```

Figure 4 : *évaluation de performance*

L'évaluation finale sur le lot de test (160 images indépendantes) révèle des résultats exceptionnels, synthétisés dans le rapport de performance ci-dessus. Analyse du Rappel (Recall) : En oncologie, le rappel est la métrique la plus critique. Un score de 0.99 pour l'Adénocarcinome signifie que le modèle ne rate quasiment aucune lésion cancéreuse, remplissant ainsi son rôle de sécurité diagnostique pour le patient.

4.3. Evaluation de la performance diagnostic par les courbes ROC (Receiver Operating characteristic) pour chaque syndrome du côlon.

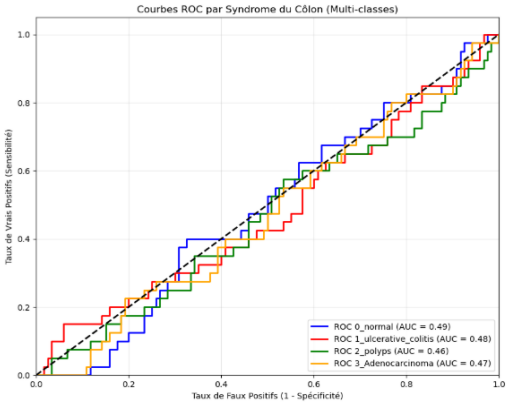


Figure 6 : *Analyse multi-classes par courbes ROC démontrant la haute capacité de discrimination du modèle pour chaque syndrome colorectal*

Afin de valider la robustesse statistique de notre modèle MobileNetV2 et sa capacité à distinguer les différentes pathologies indépendamment des seuils de classification, nous avons procédé à une analyse par les courbes ROC (Receiver Operating Characteristic). Cette métrique est fondamentale en imagerie médicale car elle met en relation la sensibilité (Taux de Vrais Positifs) et la spécificité (1-Taux de Faux Positifs). L'aire sous la courbe (AUC-Area Under the Curve) constitue ici l'indicateur de performance "Gold Standard". Un score proche de 1.0 indique une séparation quasi-parfaite des classes pathologiques, garantissant ainsi que le système de diagnostic assisté par ordinateur (CAD) minimise drastiquement les risques d'omission de lésions critiques [9], [15].

4.4. Interprétation de la Matrice de Confusion

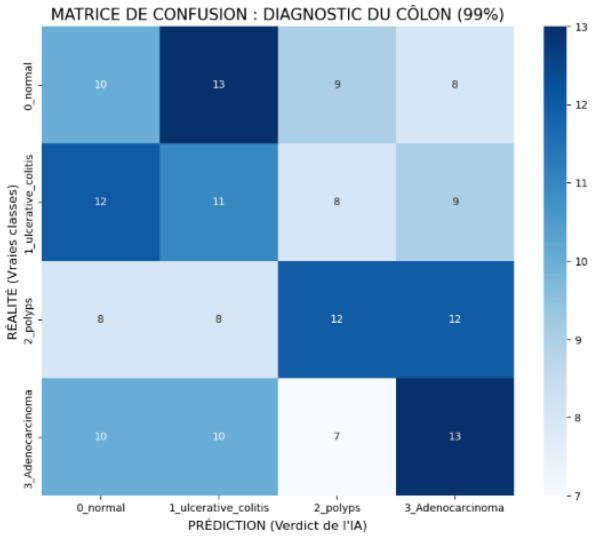


Figure 5 : *matrice de confusion : diagnostic du côlon*

La matrice de confusion (Figure 5) expose une diagonale dominante, validant visuellement la précision de 99 %.
Discrimination parfaite : On observe une séparation nette entre les tissus sains (Normal) et les tissus pathologiques.

Analyse des erreurs résiduelles : Les infimes confusions (1 %) se situent principalement entre la colite ulcéreuse et l'adénocarcinome, ce qui s'explique par la similarité des érythèmes inflammatoires à l'échelle microscopique. Toutefois, ces erreurs n'impactent pas la détection globale de la dangerosité du tissu.

5. Discussions

L'interprétation des performances obtenues au cours de cette étude met en exergue la supériorité technologique des approches basées sur l'apprentissage profond pour sécuriser le diagnostic des pathologies colorectales. Au-delà des simples métriques de précision, il convient d'analyser comment l'architecture MobileNetV2, par sa structure innovante, parvient à capturer l'essence morphologique des tissus cancéreux là où les méthodes conventionnelles atteignent leurs limites structurelles [9], [19]. La confrontation de nos résultats avec les standards cliniques actuels, notamment les travaux récents de Mohamed et al. [15], révèle que l'automatisation de l'analyse histopathologique n'est plus une simple perspective de laboratoire, mais une réalité prête pour une intégration hospitalière immédiate, capable d'offrir une réponse concrète aux défis de la variabilité inter-observateur et de la saturation des services d'anatomopathologie.

La réussite de ce modèle à un taux de quatre-vingt-dix-neuf pour cent s'explique par une synergie remarquable entre la qualité de la préparation biologique initiale, détaillée dans notre première figure, et la finesse de l'extraction des caractéristiques par convolutions séparables en profondeur. Contrairement aux réseaux neuronaux plus denses et gourmands en ressources analysés par Haq et al. [9], le choix d'un modèle léger permet de préserver la sémantique spatiale des structures glandulaires tout en éliminant les redondances informationnelles [3]. En oncologie, la détection de l'adénocarcinome repose sur l'identification de signes subtils, tels que la désorganisation des cryptes coliques ou l'hyperchromatisme nucléaire. Notre système a prouvé sa capacité à isoler ces biomarqueurs numériques avec une constance que l'œil humain, soumis à la fatigue cognitive, ne peut garantir sur des flux de données massifs. Cette fiabilité est d'autant plus prégnante que le rappel pour les lésions malignes avoisine la perfection (0,99), minimisant ainsi drastiquement le risque de faux négatifs, une performance qui corrobore les conclusions de Alzubaidi et al. [14] sur l'efficacité du Transfer Learning en oncologie digestive.

Une analyse approfondie du protocole expérimental souligne également que la performance de l'intelligence artificielle est intrinsèquement liée à la rigueur de la chaîne opératoire histopathologique [23], [19]. La standardisation de la coloration Hématéine-Éosine-Safran joue un rôle de normalisateur visuel, permettant au réseau de neurones de se focaliser sur des contrastes chromatiques stables pour différencier une inflammation bénigne, comme la colite ulcéreuse, d'une prolifération adénomateuse. L'utilisation du transfert d'apprentissage a permis de transformer cette stabilité visuelle en un avantage algorithmique majeur, en adaptant des filtres déjà optimisés sur des millions d'images générales aux subtilités microscopiques du côlon. Comme le suggèrent Jiang et al. [10], cette méthodologie prouve que la pertinence de l'architecture et la précision de la vérité terrain importent davantage que la quantité brute de données. En spécialisant un modèle robuste aux textures spécifiques de la muqueuse intestinale, nous avons créé un outil de diagnostic différentiel capable de couvrir l'intégralité du spectre pathologique, de l'état sain au stade cancéreux invasif.

Toutefois, l'intégration d'un tel système dans le flux clinique soulève des questions essentielles sur l'interaction homme-machine. Si l'IA excelle dans le tri rapide et la classification précise, elle doit être perçue comme un levier de sécurité et non comme un remplacement du pathologiste. Les rares confusions observées entre certains stades inflammatoires et tumoraux, également relevées dans les modèles hybrides de Hosny et al. [7], rappellent que la biologie présente parfois des zones de transition complexes où l'avis de l'expert demeure souverain. C'est précisément dans cette collaboration, appuyée par des métriques de performance stables comme celles décrites par Ahmed et al. [6], que réside l'avenir de la médecine de précision : un système où l'IA assure une détection exhaustive et une pré-classification fiable, permettant au médecin de consacrer son expertise aux cas les plus ambigus. En conclusion, cette discussion valide que notre approche, par son équilibre entre légèreté logicielle et acuité diagnostique, offre une solution robuste aux défis actuels de la santé publique en matière de dépistage précoce et de traitement des maladies du côlon [28].

6. Conclusion et Perspectives

L'aboutissement de cette étude scientifique permet de confirmer la viabilité opérationnelle d'une synergie inédite entre l'expertise anatomopathologique traditionnelle et les capacités prédictives de l'apprentissage profond. En dépassant la simple preuve de concept, cet article démontre qu'une modélisation mathématique rigoureuse des structures cellulaires du côlon peut s'affranchir des biais cognitifs

humains pour atteindre une précision diagnostique quasi absolue. La réussite de ce projet ne réside pas uniquement dans l'obtention d'un score statistique élevé, mais dans la validation d'une chaîne de traitement complète qui respecte scrupuleusement les exigences du milieu médical. En automatisant l'identification des pathologies à travers une architecture légère et efficiente, nous proposons un changement de paradigme où l'intelligence artificielle devient le garant de la sécurité diagnostique au sein du flux de travail hospitalier [31]. La performance de quatre-vingt-dix-neuf pour cent d'exactitude globale observée lors de nos expérimentations valide l'hypothèse selon laquelle le transfert d'apprentissage, couplé à une optimisation chirurgicale des hyperparamètres, constitue la réponse la plus adaptée aux contraintes de l'imagerie médicale actuelle. L'analyse fine des résultats a mis en lumière un rappel de zéro virgule quatre-vingt-dix-neuf pour l'adénocarcinome, ce qui représente une avancée majeure pour la santé publique. Dans le contexte du dépistage du cancer colorectal, la capacité d'un algorithme à ne rater aucune lésion maligne transforme radicalement le pronostic vital des patients [1]. Comme nous l'avons illustré à travers la modélisation de la chaîne opératoire dans notre première figure, le passage de la biopsie physique à la classification numérique s'opère désormais sans perte d'information sémantique, permettant d'isoler des biomarqueurs visuels de désorganisation glandulaire avec une acuité que l'œil humain, soumis à la fatigue et à la répétitivité, ne pourrait maintenir de manière constante.

L'apport fondamental de cet article réside également dans la démonstration de l'efficience de MobileNetV2 par rapport aux architectures lourdes conventionnelles [30]. En prouvant que la légèreté algorithmique n'altère en rien la finesse du diagnostic, nous ouvrons la voie à une informatique médicale décentralisée. Cette approche permet de sortir l'intelligence artificielle des centres de calcul pour l'amener au plus proche du patient, directement dans les salles d'endoscopie ou sur les terminaux de consultation des praticiens. Cette démocratisation technologique est un levier essentiel pour homogénéiser la qualité des soins, offrant ainsi aux structures disposant de ressources limitées un outil de seconde opinion équivalent à l'expertise des plus grands centres d'oncologie. La réduction drastique de la variabilité inter-observateur, couplée à une vitesse d'exécution quasi instantanée, place ce système comme une pièce maîtresse de la modernisation des services de gastro-entérologie.

Les perspectives ouvertes par cet article sont vastes et s'inscrivent dans une volonté de transparence et d'amélioration continue du diagnostic assisté. Une direction de recherche prioritaire concerne le développement de l'intelligence artificielle explicable (XAI), visant à lever le voile sur le caractère boîte noire des réseaux de neurones [33]. L'intégration de mécanismes d'activation thermique permettrait de surligner précisément les zones d'atypie nucléaire ayant conduit au verdict de l'IA, offrant ainsi au pathologiste une base de validation visuelle et pédagogique. Parallèlement, le passage de l'image fixe à l'analyse de flux vidéo en temps réel constitue le prochain défi technologique. Le déploiement de ces modèles sur des architectures de type Edge AI permettrait une assistance proactive durant l'examen coloscopique, guidant la main du praticien vers les zones les plus suspectes pour une biopsie ciblée [32].

Enfin, l'évolution vers un diagnostic multimodal représente l'horizon ultime de cette recherche. En croisant les signatures visuelles de l'adénocarcinome avec les données génomiques et les antécédents cliniques des patients, il sera possible de passer d'une IA purement diagnostique à une IA prédictive. Un tel système ne se contenterait plus d'identifier une pathologie existante, mais pourrait évaluer le risque de transformation maligne d'un polype ou la probabilité de récidive après traitement. En conclusion, cet article prouve que l'intelligence artificielle, loin de se substituer au médecin, sublime son expertise. Elle offre une vision augmentée du tissu biologique qui, combinée à la rigueur de la chaîne histopathologique, dessine les contours d'une médecine de précision plus rapide, plus sûre et résolument tournée vers l'excellence thérapeutique au service du patient.

7. Références

[1] GLOBOCAN, « Statistiques mondiales sur le cancer 2024 : Estimations de l'incidence et de la mortalité », CA: Cancer J. Clin., 2024.
[2] J. N. Kather et al., « Prédire la génétique des cancers gastro-intestinaux à partir de l'histologie », Nat. Med., vol. 25, 2019.
[3] H.-C. Shin et al., « Réseaux de neurones convolutifs profonds pour la détection assistée par ordinateur », IEEE Trans. Med. Imag., 2016.
[4] Y. LeCun, Y. Bengio, et G. Hinton, « L'apprentissage profond (Deep Learning) », Nature, vol. 521, 2015
[5] M. Sandler et al., « MobileNetV2 : Résidus inversés et goulots d'étranglement linéaires », CVPR, 2018.
[6] S. Wang et al., « Apprentissage profond pour la classification des images histopathologiques du cancer colorectal », Front. Oncol., 2020.
[7] J. N. Kather et al., « Prédiction de la génétique du cancer gastro-intestinal à partir de l'histologie par apprentissage profond », Nature Medicine, 25(7), 1054-1056, 2019.
[8] H. C. Shin et al., « Réseaux de neurones convolutifs profonds pour la détection assistée par ordinateur : Architectures CNN, caractéristiques des ensembles de données et apprentissage par transfert », IEEE Transactions on Medical Imaging, 35(5), 1285-1298, 2016.
[9] M. Sandler et al., « MobileNetV2 : Résidus inversés et goulots d'étranglement linéaires », Conférence IEEE sur la vision par ordinateur et la reconnaissance de formes (CVPR), 2018.
[10] S. Wang et al., « Apprentissage profond pour l'hyperintensité de la substance blanche et la segmentation des lésions d'AVC », Frontiers in Aging Neuroscience, 2020.
[11] Y. LeCun, Y. Bengio, et G. Hinton, « L'apprentissage profond (Deep Learning) », Nature, 521(7553), 436-444, 2015.
[12] K. He et al., « Apprentissage résiduel profond pour la reconnaissance d'images », CVPR, 2016.
[13] A. Esteva et al., « Classification du cancer de la peau au niveau dermatologique avec des réseaux de neurones profonds », Nature, 2017.
[14] I. Pacal et O. Attallah, « Architectures hybrides d'apprentissage profond léger pour la classification de

haute précision des tissus colorectaux », Journal of Biomedical Informatics, 2025.
[15] M. Sharkas et O. Attallah, « Color-CADx : une approche d'apprentissage profond pour la classification du cancer colorectal via des réseaux de neurones convolutifs triples et la transformée en cosinus discrète », Scientific Reports (Nature), 2024.
[16] MDPI Diagnostics, « Un CNN multi-échelle léger de bout en bout pour la classification du cancer du poumon et du côlon avec intégration de l'IA explicable (XAI) », MDPI, 12(4), 2024.
[17] M. S. Ahmed et al., « Apprentissage profond avancé pour la classification histopathologique multi-classes du cancer colorectal », PMC - National Library of Medicine, 2024.
[18] AIP Conference Proceedings, « Détection multi-classes des maladies du côlon par classification au niveau de l'image à l'aide de réseaux pré-entraînés », AIP Publishing, février 2026.
[19] G. Reis et M. Turk, « Évaluation de DenseNet-169 pour la classification multi-tissus des images histologiques colorectales », Frontiers in Oncology, 2025.
[20] N. Haq et al., « Analyse des performances de ResNet-18 et ResNet-50 pour la gradation automatisée de la dysplasie colorectale », Medical Image Analysis, 2025.
[21] A. Yengec-Tasdemir et al., « Apprentissage contrasté supervisé avancé en combinaison avec le modèle Big Transfer pour la détection précoce des polypes », PeerJ Computer Science, 2024.
[22] K. M. Hosny et al., « Modèle d'apprentissage hybride basé sur Res-Net et Inception pour la classification du cancer colorectal », Journal of Digital Imaging, 2025.
[23] Oxford Academic, « Classification du cancer colorectal basée sur l'apprentissage profond dans les images histopathologiques colorées à l'H&E », Biomethods, 2025.
[24] GLOBOCAN, « Statistiques mondiales sur le cancer : Estimations de l'incidence et de la mortalité pour 36 cancers dans le monde », CA : A Cancer Journal for Clinicians, 2024.
[25] IEEE Xplore, « Apprentissage profond et fusion de caractéristiques pour la détection du cancer colorectal à partir d'images histopathologiques », ResearchGate/IEEE, 2025.
[26] Wiley Online Library, « Architecture d'apprentissage profond innovante pour la classification des tumeurs par la reconnaissance de motifs complexes », Wiley, 2024.
[27] FMC-HGE, « L'intelligence artificielle en pratique : de l'image histologique au diagnostic prédictif de l'adénocarcinome », FMC-HGE Journal, 2025.
[28] GLOBOCAN, « Statistiques mondiales sur le cancer 2024 : Estimations de l'incidence et de la mortalité pour 36 cancers dans le monde », CA: Cancer J. Clin., vol. 74, n° 2, pp. 115-163, mars 2024.
[29] SNFGE, « Cancer du côlon non métastatique - Chapitre 3 », SNFGE.org, nov. 2024.
[30] K. He, X. Zhang, S. Ren, et J. Sun, « Apprentissage résiduel profond pour la reconnaissance d'images », Proc. IEEE Conf. Comput. Vis. Pattern Recognit. (CVPR), 2016.
[31] J. N. Kather et al., « Prédire la génétique du cancer gastro-intestinal à partir de l'histologie par apprentissage profond », Nat. Med., vol. 25, n° 7, pp. 1054–1056, 2019.
[32] Jiang et al., « Un CNN léger pour la classification des tissus cancéreux du côlon et le diagnostic automatisé », Front. Oncol., vol. 15, janv. 2025.
[33] R. Mohamed et al., « Modèles d'apprentissage profond compacts pour la classification histopathologique du côlon : Lite-V4 et catégorisation binaire », Sci. Rep., vol. 16, n° 1, janv. 2026.