

Systeme bio-inspiré pour l'analyse de données biomédicales, application au diagnostic du cancer.

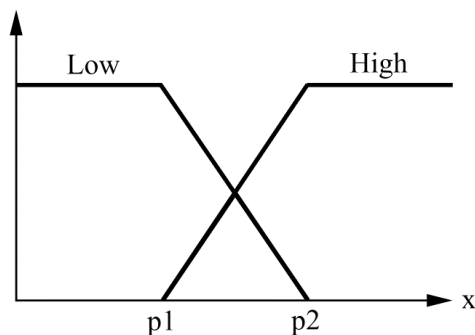
Le problème

De plus en plus de tests diagnostiques apparaissent afin de lutter contre le cancer, engendrant ainsi beaucoup de données difficilement interprétables même pour les spécialistes qui les ont créés.

La solution proposée dans ce travail permet tout en classifiant un bon taux de patients d'avoir des règles indiquant comment a été trouvé le diagnostic grâce aux systèmes flous.

Systeme flou

Un système flou utilise la logique floue, où une proposition peut être partiellement vraie ou fausse. Ces systèmes sont composés d'ensembles flous et de règles. Pour connaître le degré de vérité d'une règle, ces ensembles flous sont définis par des fonctions d'appartenance. Alors que les règles ont la forme suivante : *if (x is Low) then Positive.*

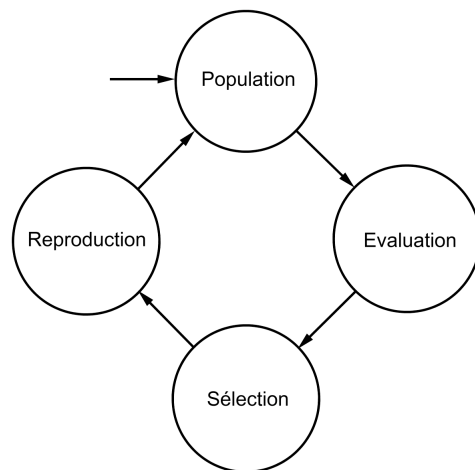


Deux ensembles flous

De bons systèmes, à la fois simples et performants, sont difficiles à obtenir. Nous avons utilisé les algorithmes génétiques pour les générer.

Les algorithmes génétiques

Les algorithmes génétiques se basent sur la notion de sélection naturelle où les individus les plus adaptés à un environnement auront plus de chance de se reproduire et de transmettre leurs gènes aux générations futures.



Les différentes phases d'un algorithme génétique

Résultats

Grâce à cette approche nous sommes arrivés à classifier plus de 94% des patients et à isoler les variables essentielles dans le diagnostic du cancer.

Outils utilisés

JGAP, jFuzzyLogic, iText, Apache Poi