Intelligence artificielle et **apprentissage profond** appliqués à la **reconnaissance d'images** en **cytogénétique**

Thèse du Doctorat de Médecine

Spécialité Biologie Médicale

GFCH
Travaux

Alexandra Petit

11 octobre 2018

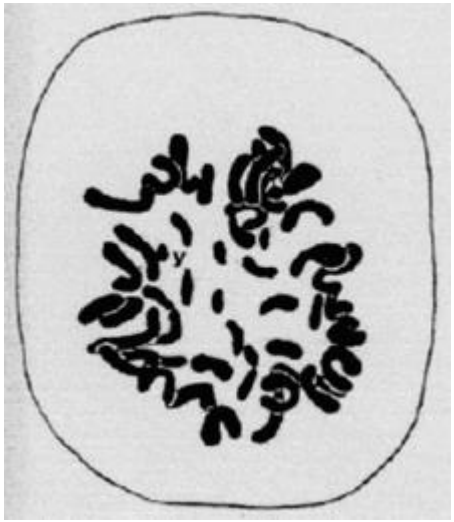
Introduction

L'histoire de la cytogénétique, une évolution marquée par l'avancée technologique

Intelligence artificielle et apprentissage profond

Historique

- La cytogénétique apparaît en tant que discipline médicale dans les années 50

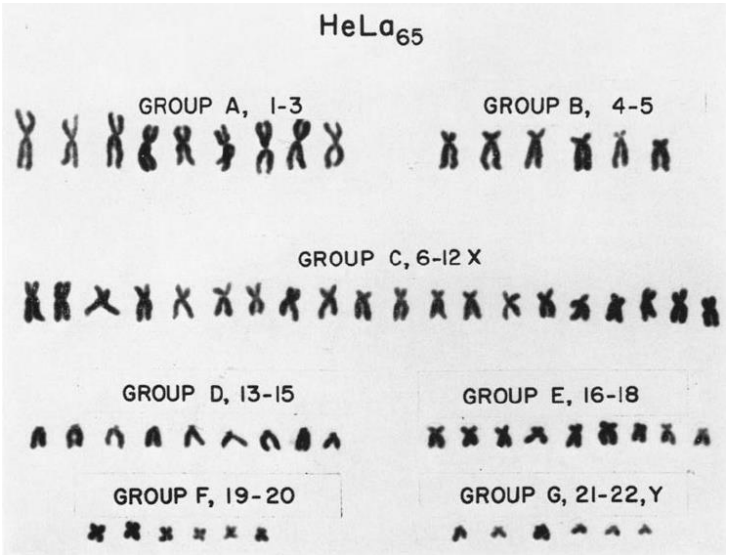


Dessins de Painter
(1923)

Tjio and Levan, The
Chromosome Number of Man
(1956)

Historique

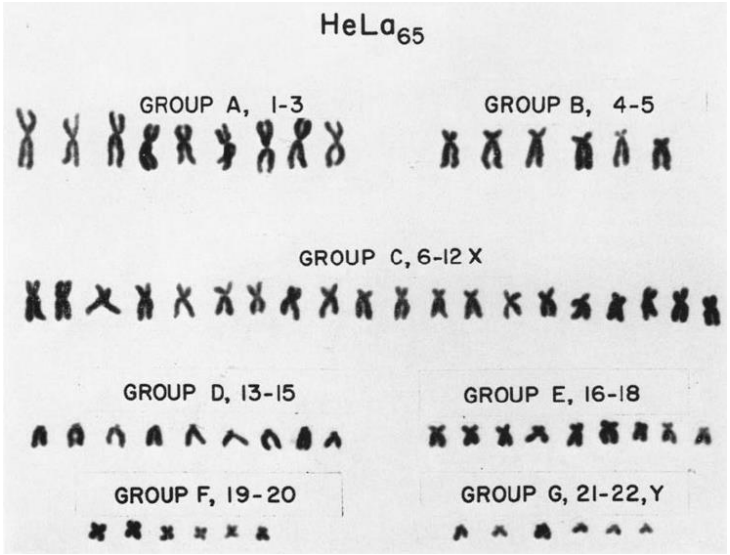
- Première classification : Denver

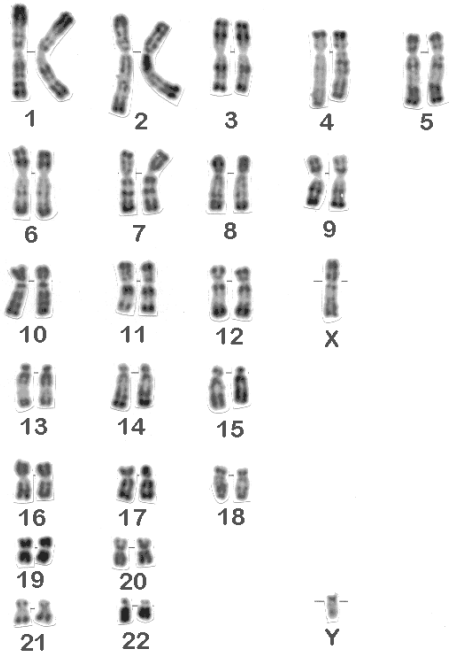


Bottomley, Trainer and Griffin. Enzymatic and Chromosomal Characterization of HeLa Variants (1969)

Historique

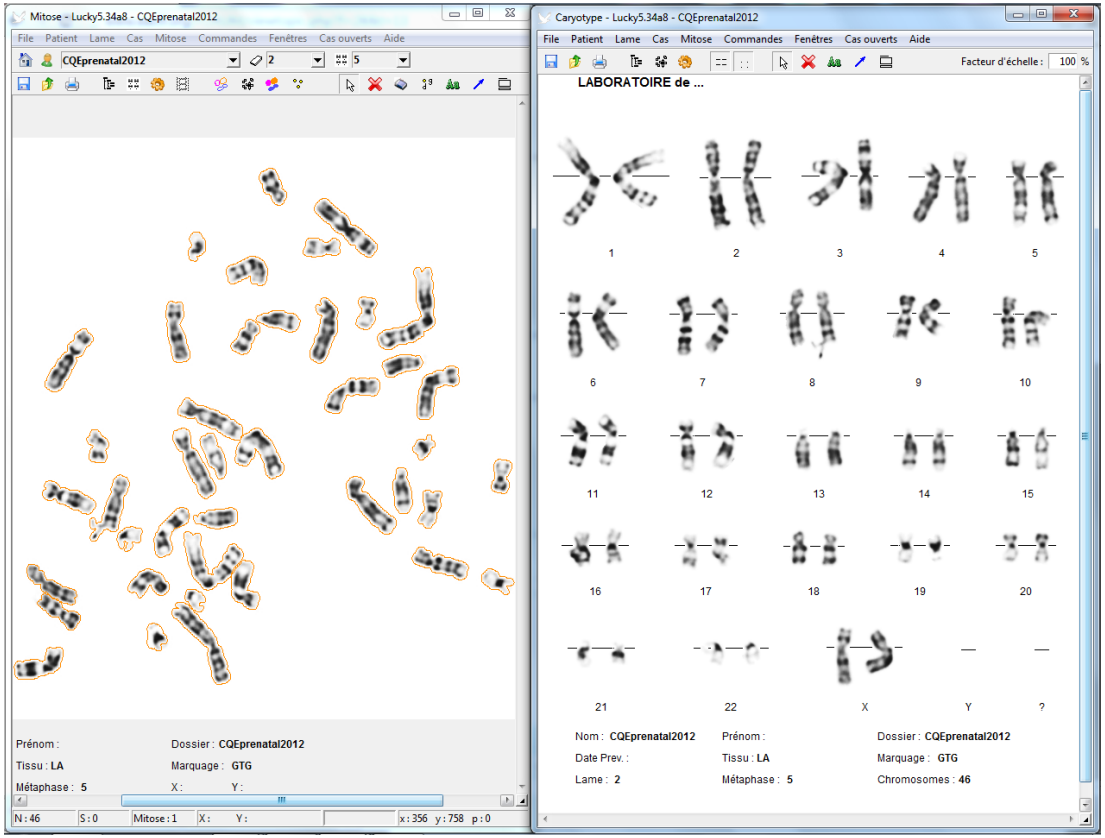
- Marquage des bandes chromosomiques : identification des chromosomes





Historique

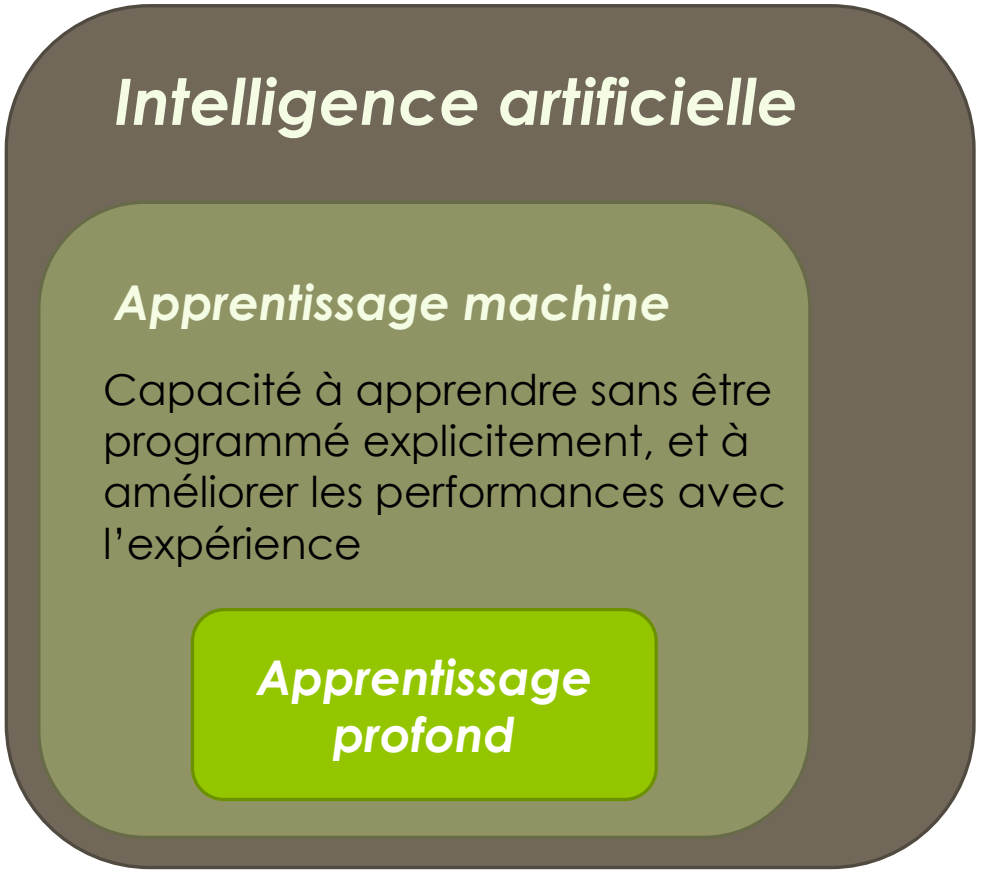
- Logiciel de caryotypage Lucky



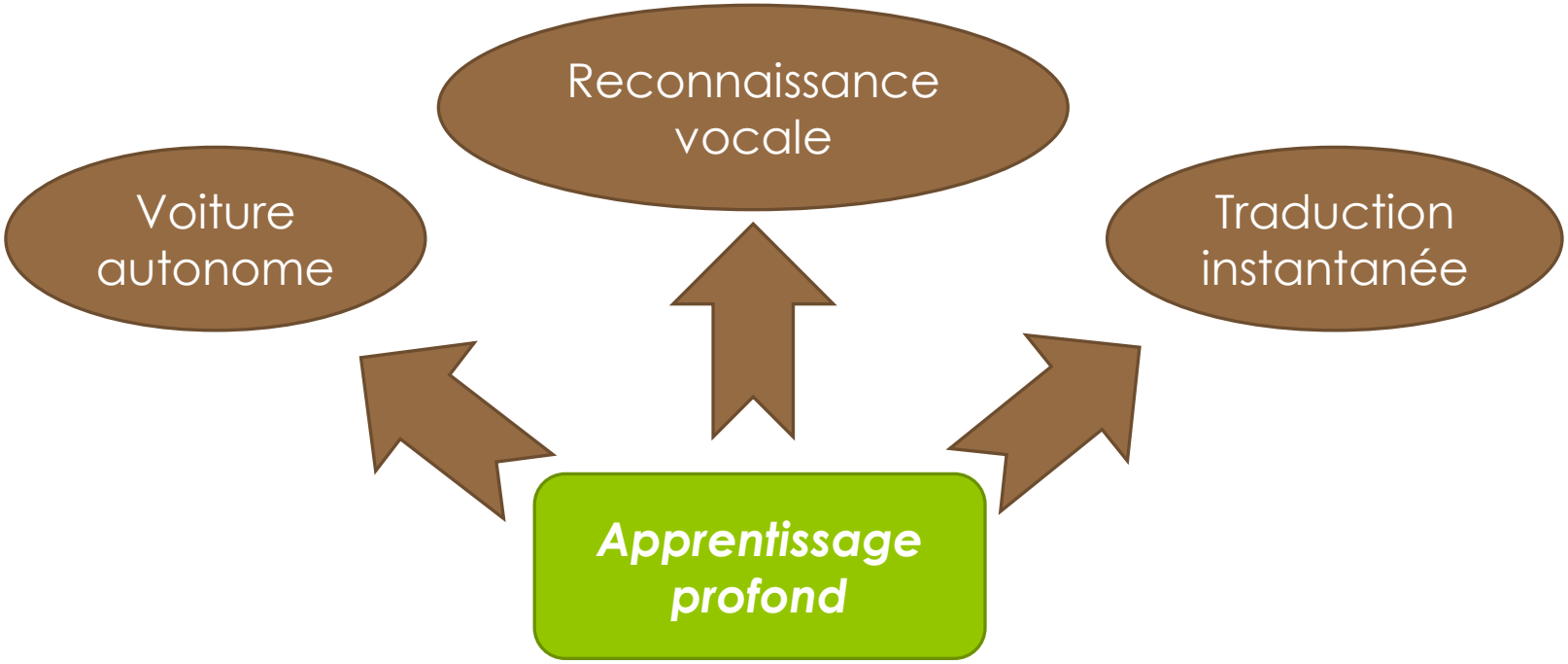
Apprentissage profond

Apprentissage machine basé sur une reproduction du système neuronal : **neurone artificiel**

Concept étudié depuis les années 50 mais expansion durant les années 2010



I. Introduction



I. Introduction

Reconnaissance vocale

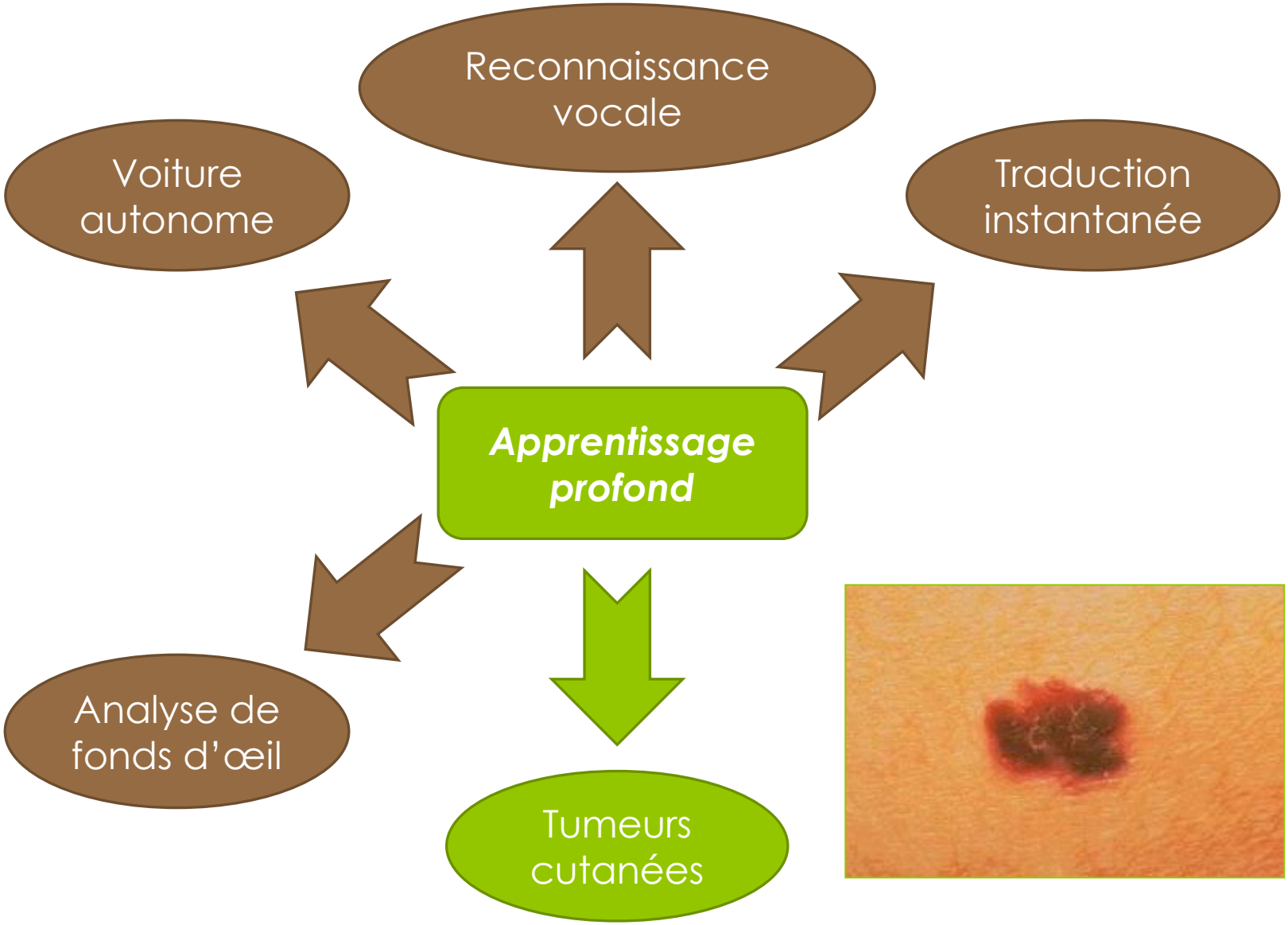
Voiture autonome

Traduction instantanée

Apprentissage profond

Analyse de fonds d'œil

I. Introduction



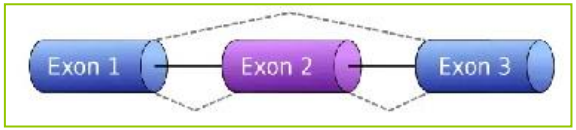
I. Introduction

Reconnaissance vocale

Voiture autonome

Traduction instantanée

Apprentissage profond



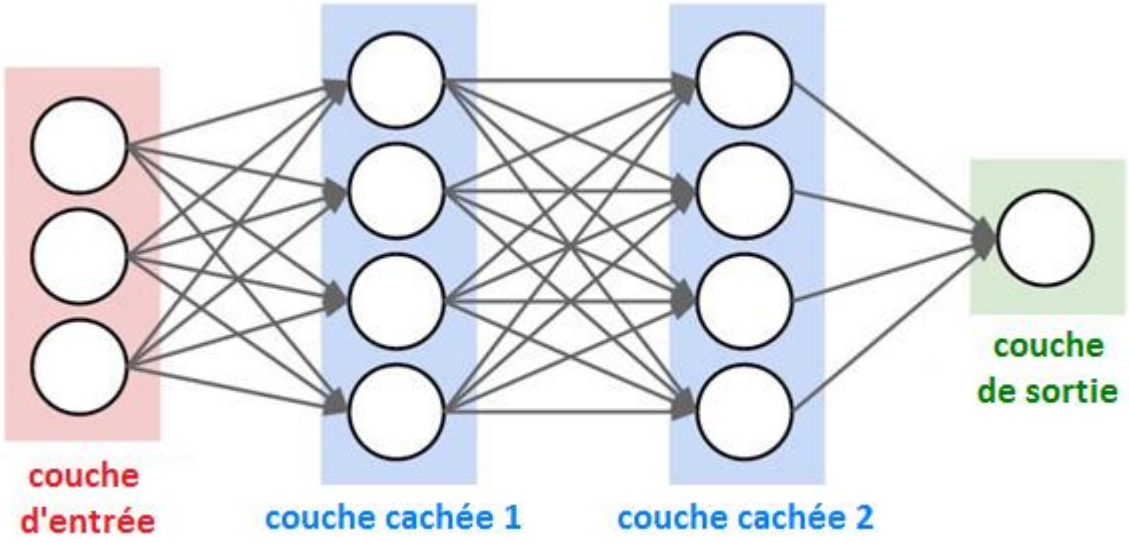
Analyse de fonds d'œil

Tumeurs cutanées

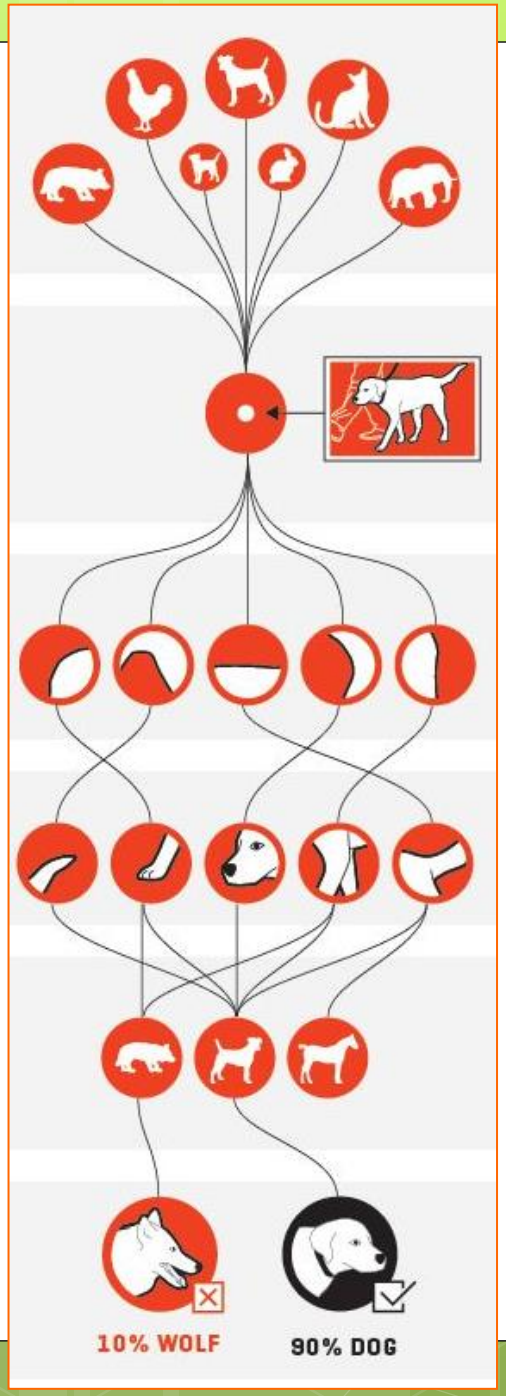
Prédiction de l'épissage

Réseaux profonds

- Fonctionnement de base : couches neuronales

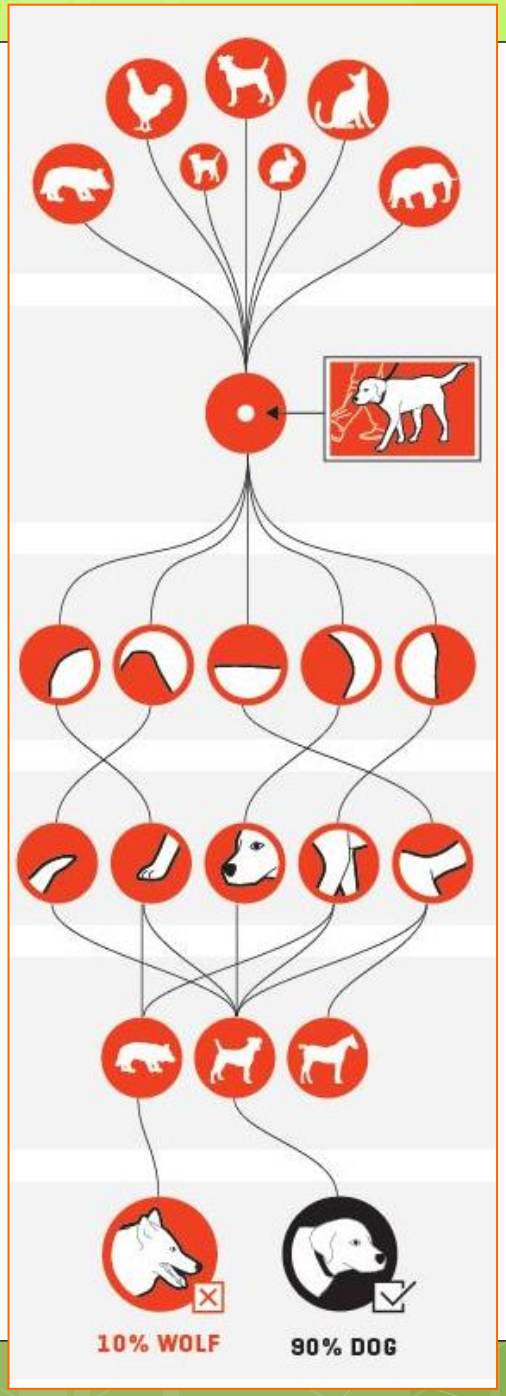


I. Introduction



Catégories

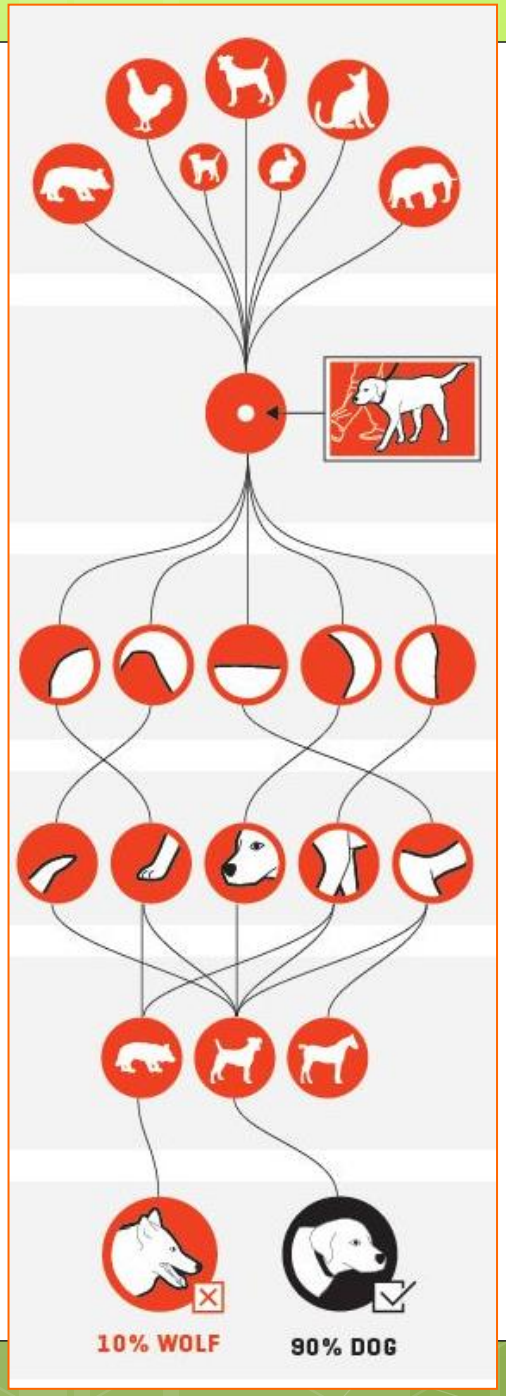
I. Introduction



Catégories

Image en entrée

I. Introduction

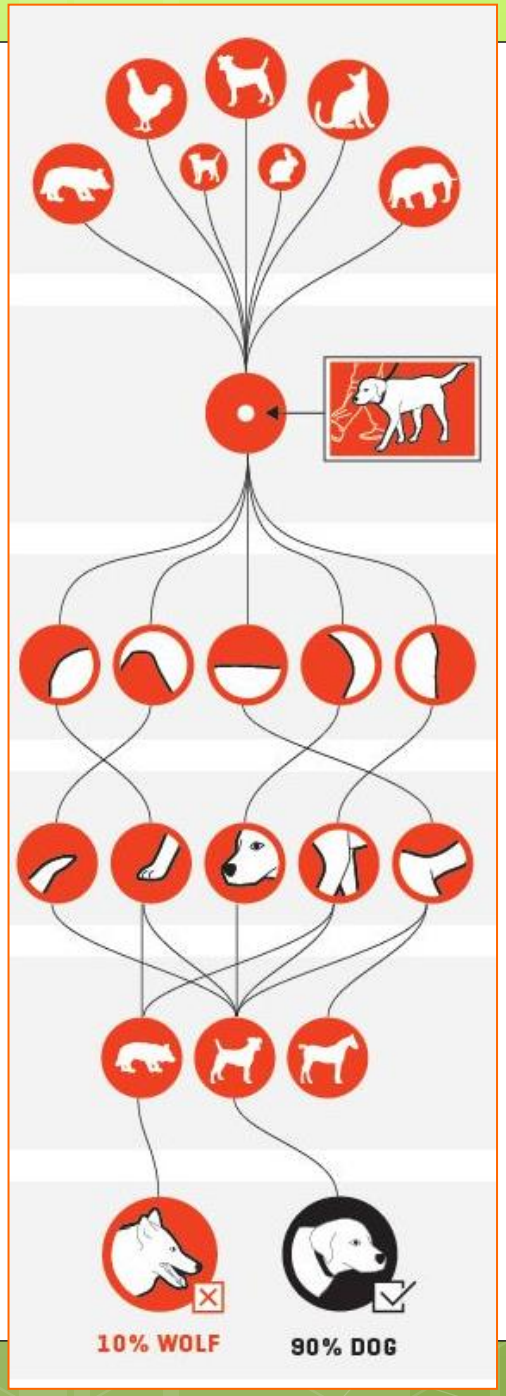


Catégories

Image en entrée

Premières couches neuronales : formes simples, angles

I. Introduction



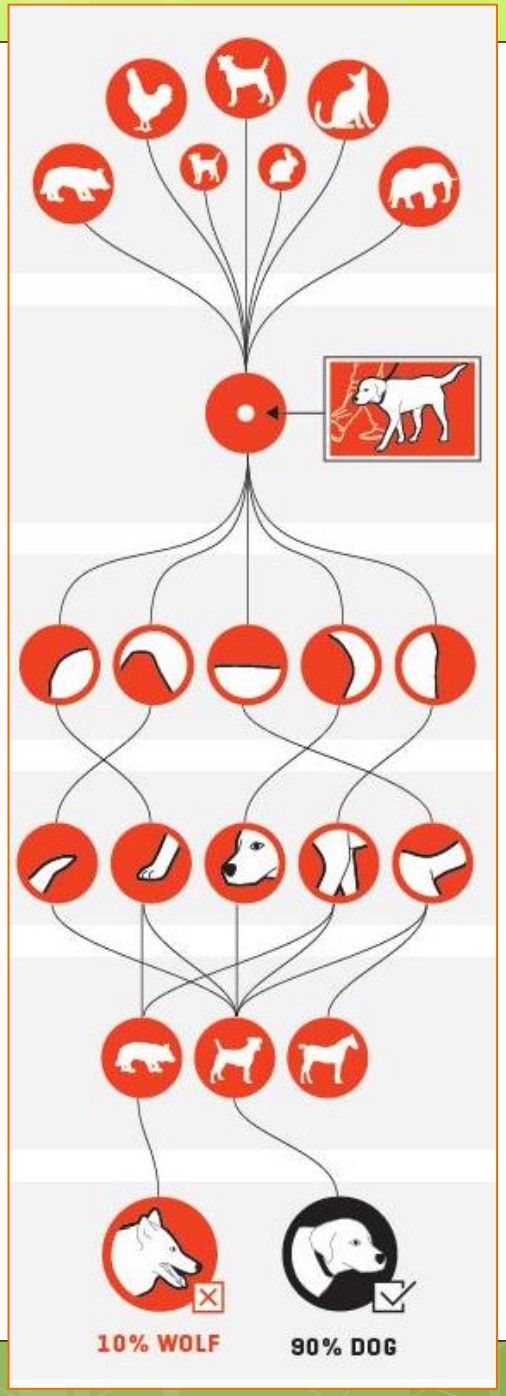
Catégories

Image en entrée

Premières couches neuronales : formes simples, angles

Couches neuronales suivantes : objets complexes

I. Introduction



Catégories

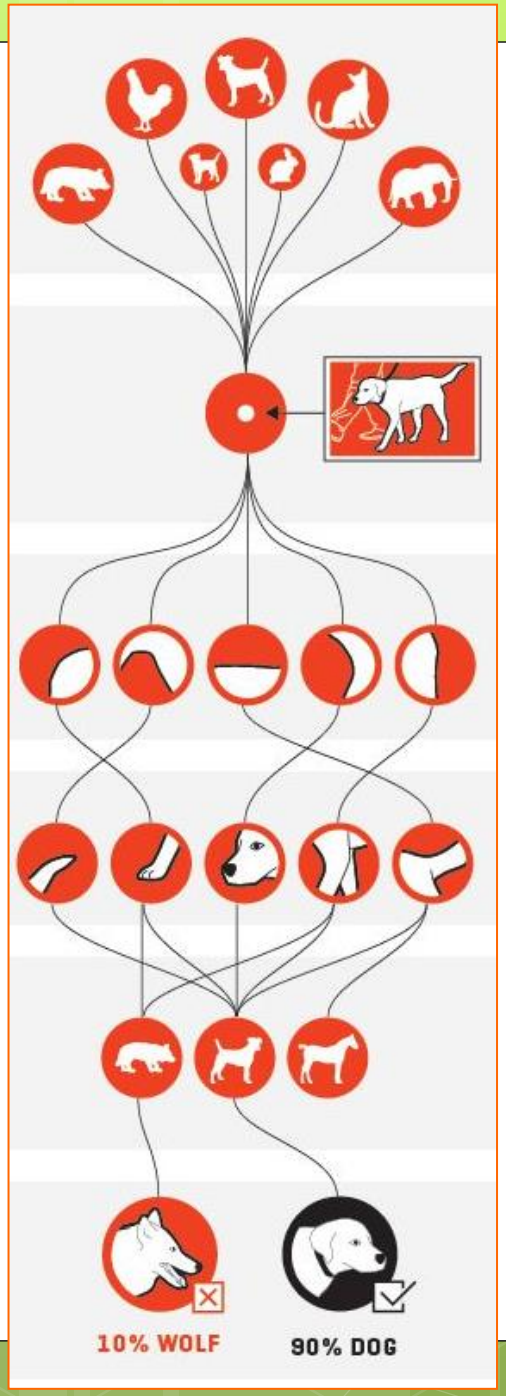
Image en entrée

Premières couches neuronales : formes simples, angles

Couches neuronales suivantes : objets complexes

Couches neuronales finales : concepts

I. Introduction



Catégories

Image en entrée

Premières couches neuronales : formes simples, angles

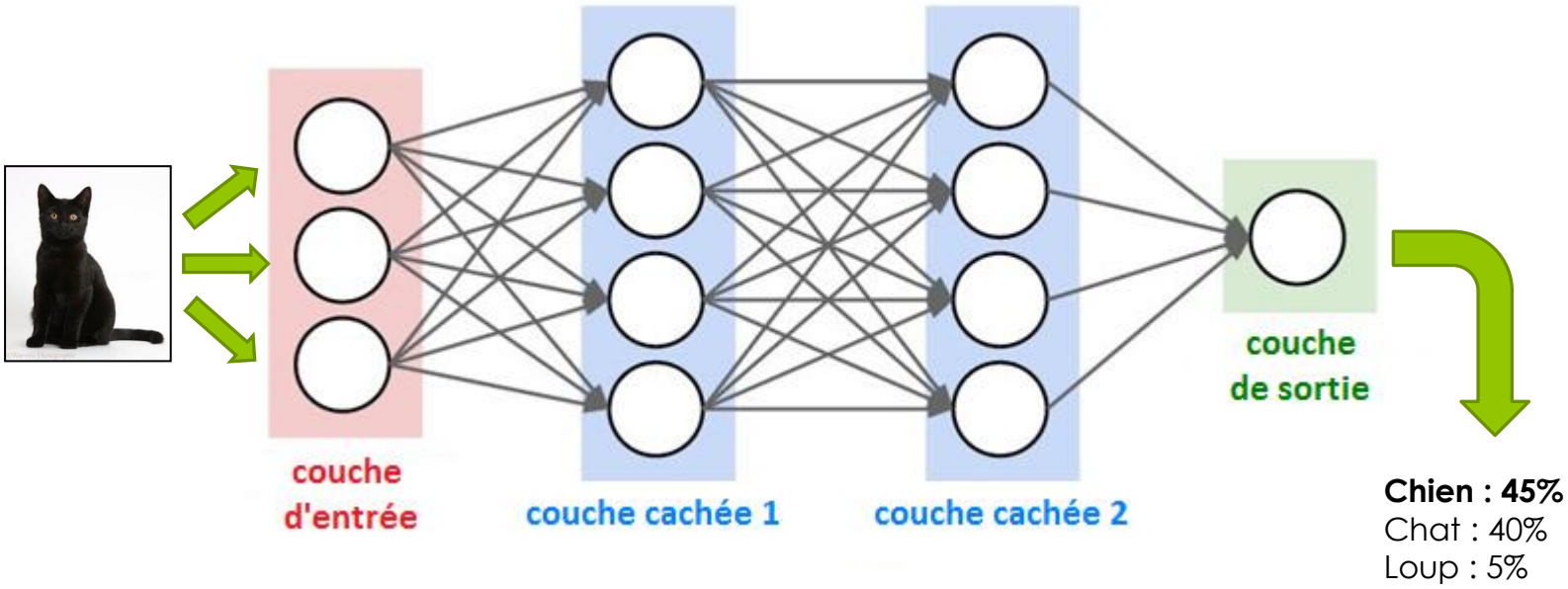
Couches neuronales suivantes : objets complexes

Couches neuronales finales : concepts

Reconnaissance

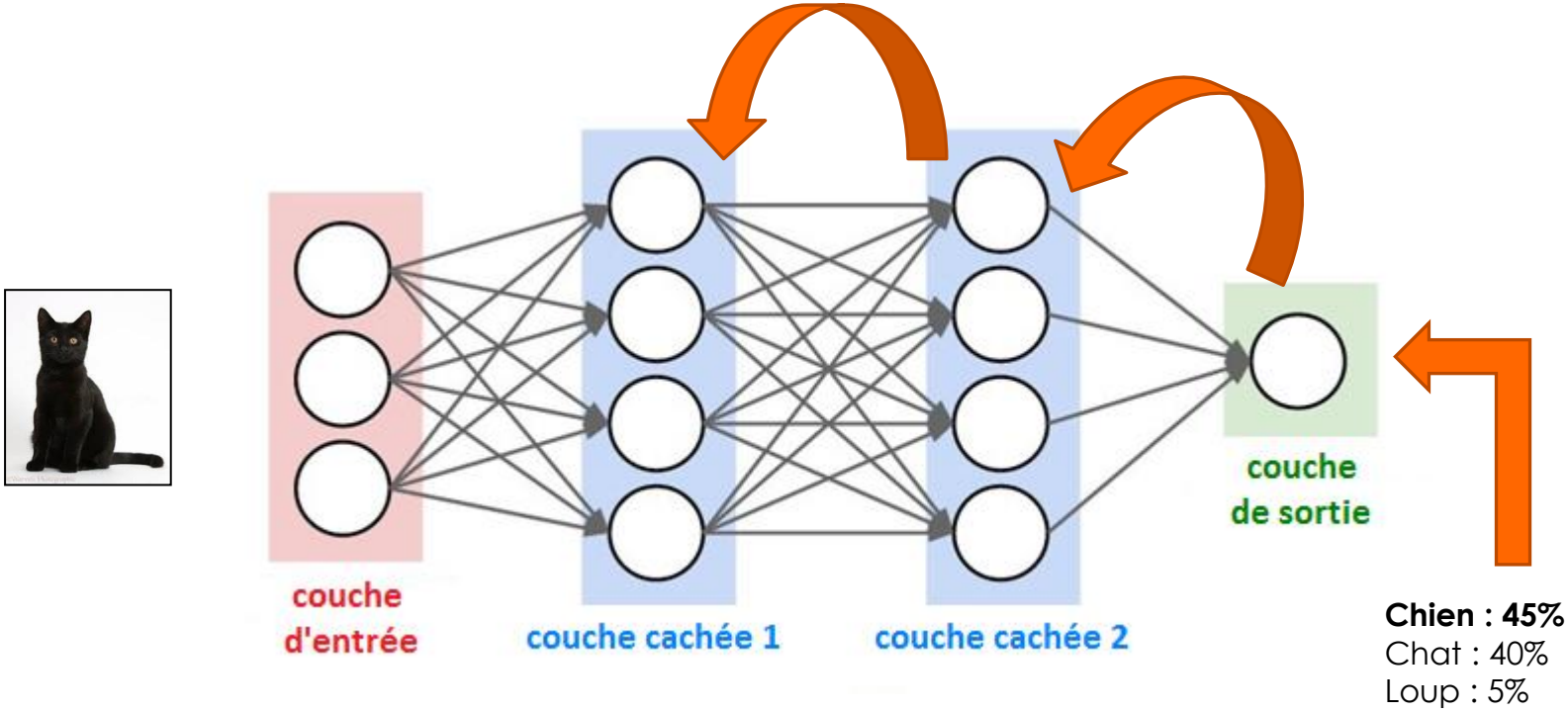
Réseaux profonds

- Apprentissage du réseau



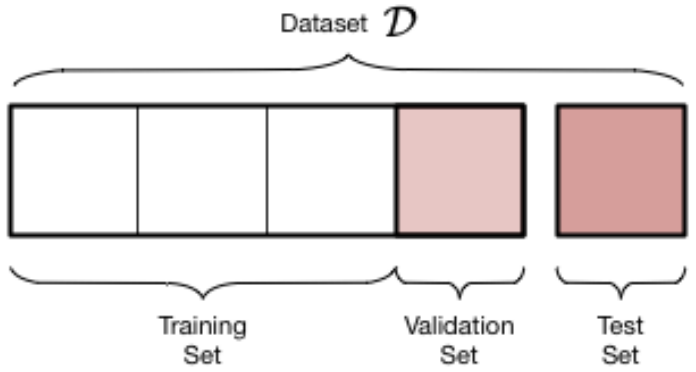
Réseaux profonds

- Rétro-propagation



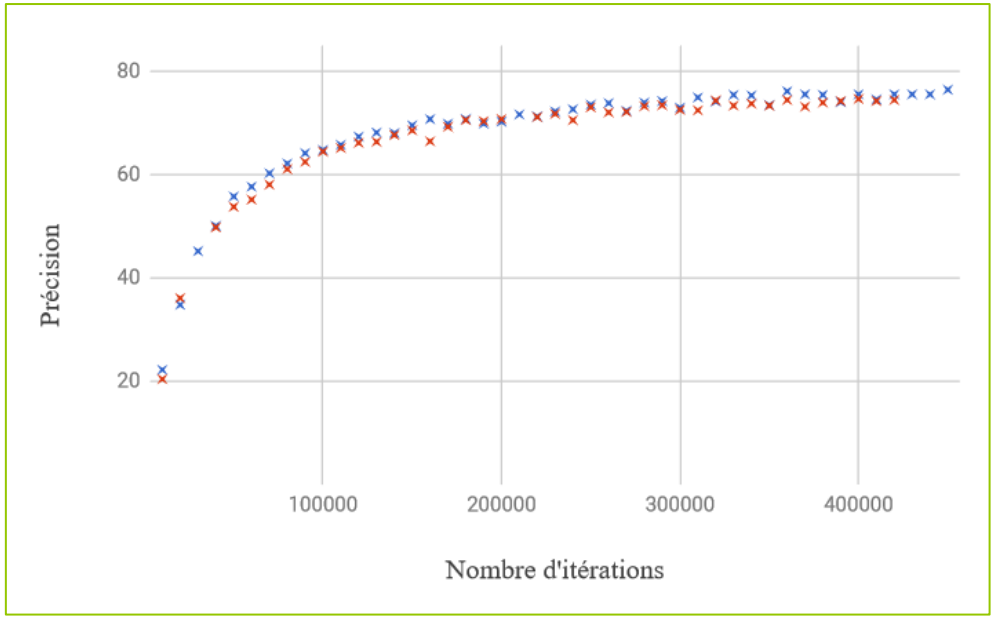
Réseaux profonds

- 3 sets d'images :
  - **Apprentissage** : le réseau voit ces images de multiple fois
  - **Validation** : sous-partie du set d'apprentissage qui permet une première évaluation des résultats
  - **Test** : images inédites



Réseaux profonds

- Evolution des résultats



Objectifs de thèse

- **Reconnaissance des chromosomes** selon deux méthodes : séparées et en sous-groupes selon la classification de Denver
- **Comparaison des résultats** avec les logiciels existants
- **Reconnaissance des chromosomes anormaux**

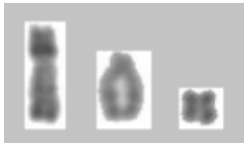
Matériel et Méthodes

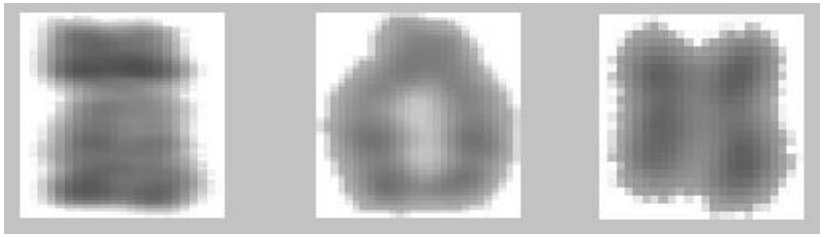
Traitement des images

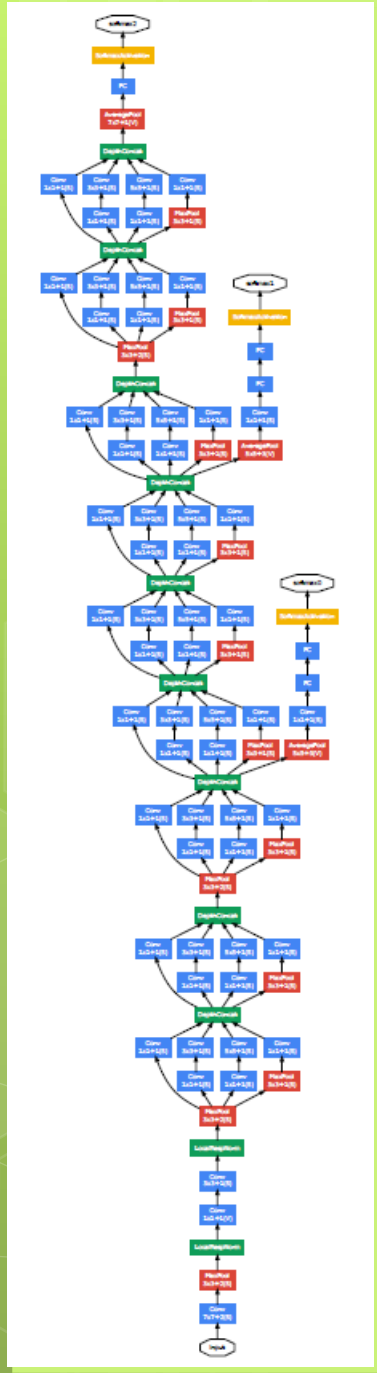
Présentation des réseaux profonds utilisés

Matériel et méthodes

- Traitement des images : trois méthodes





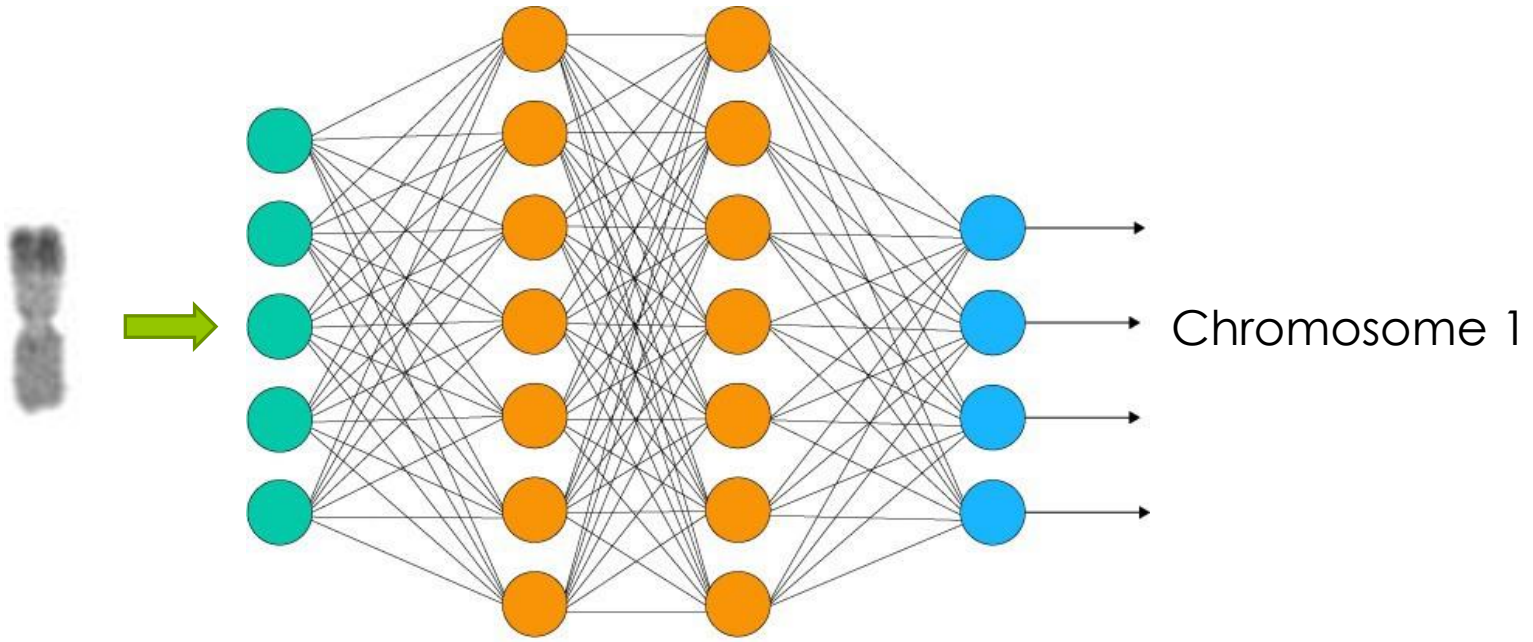


Réseaux utilisés

- **Inception** : réseau profond de 22 couches neuronales
  - Développé par Google et distribué librement
- **MobileNet** : réseau voisin d'Inception mais d'architecture plus légère (17 couches)
  - Egalement en accès libre

Réseaux utilisés

- **Mannaz** : réseau profond « maison » constitué de 4 couches neuronales



Résultats

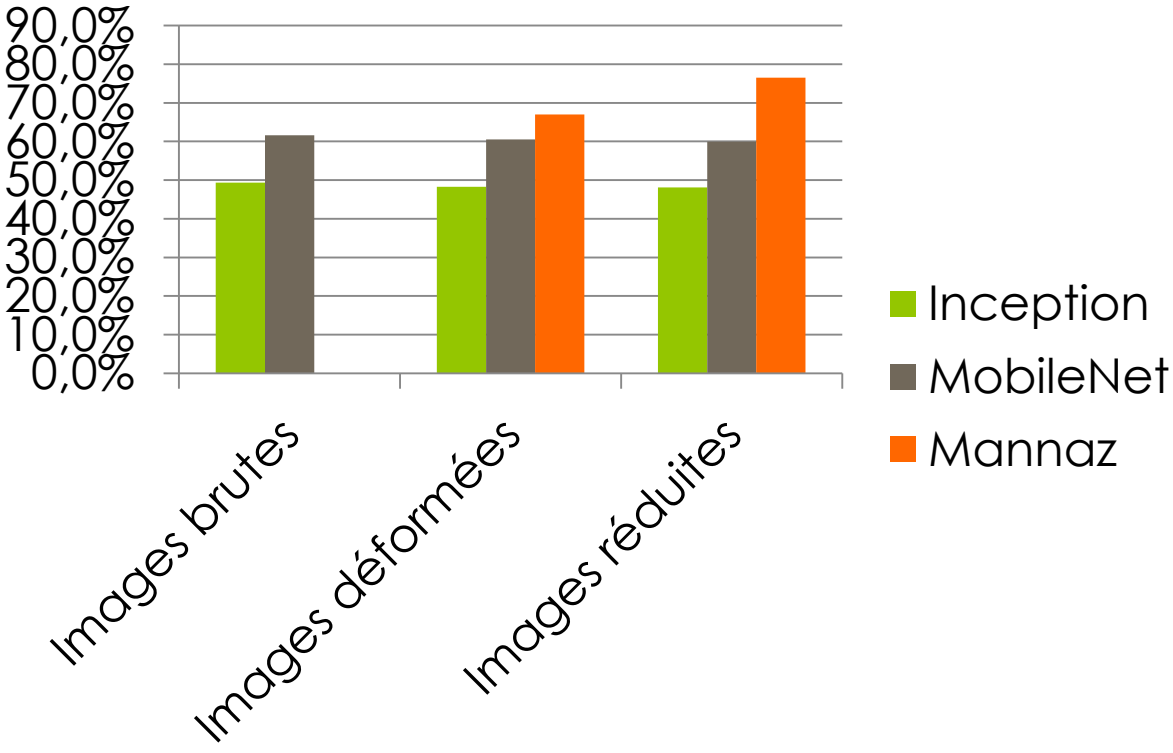
Reconnaissance des chromosomes

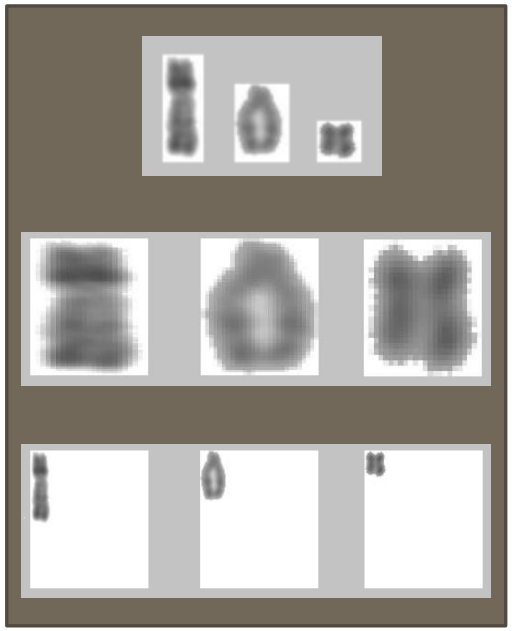
Comparaison des résultats

Reconnaissance des chromosomes anormaux

Résultats

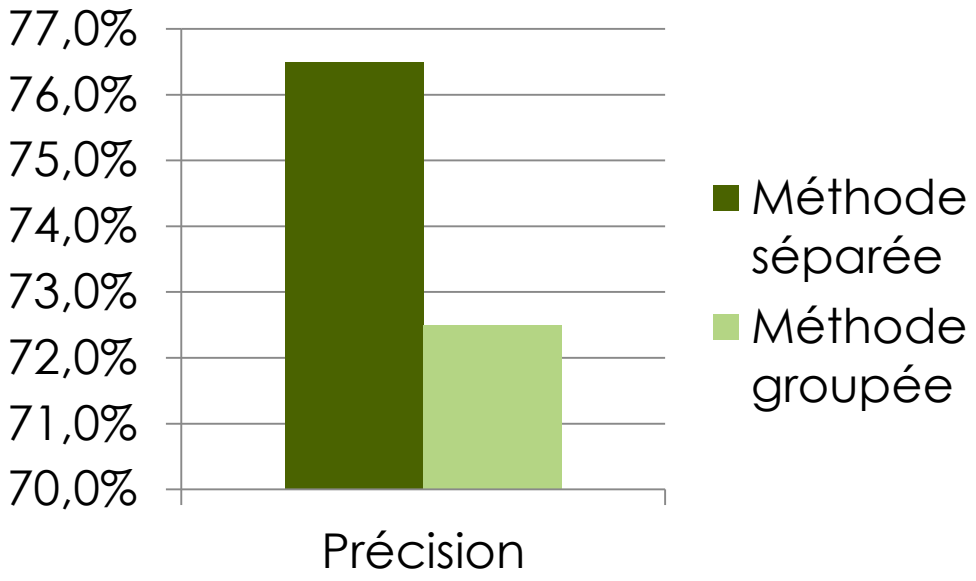
- Reconnaissance des chromosomes





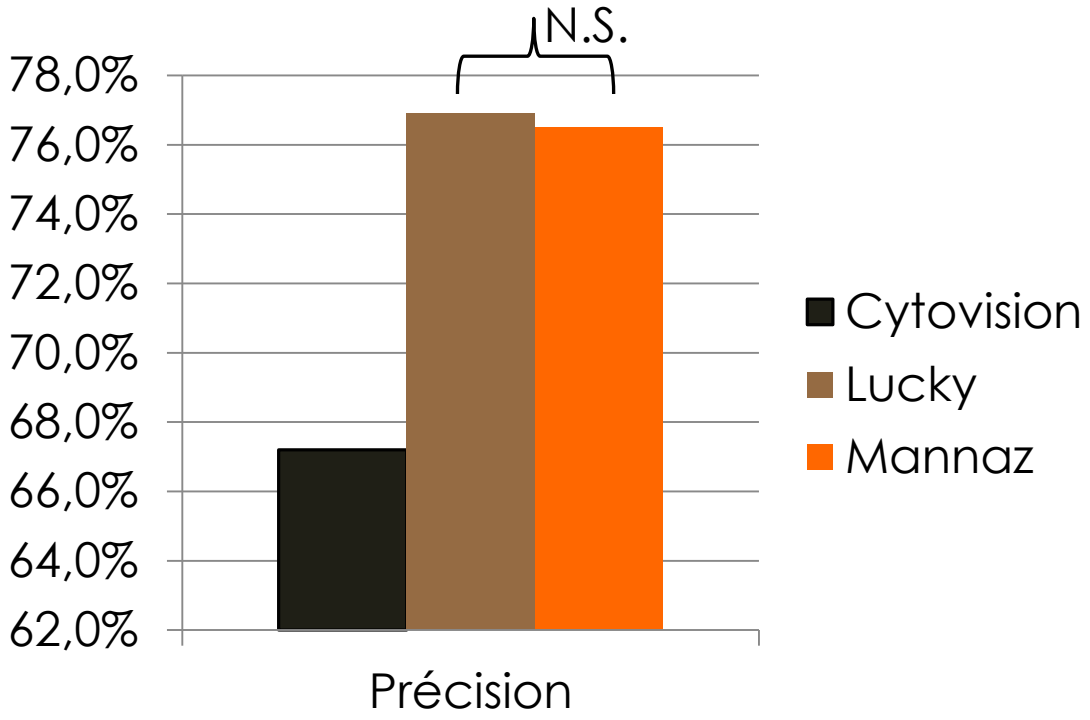
Résultats

- Précision de Mannaz par méthode séparée et méthode groupée



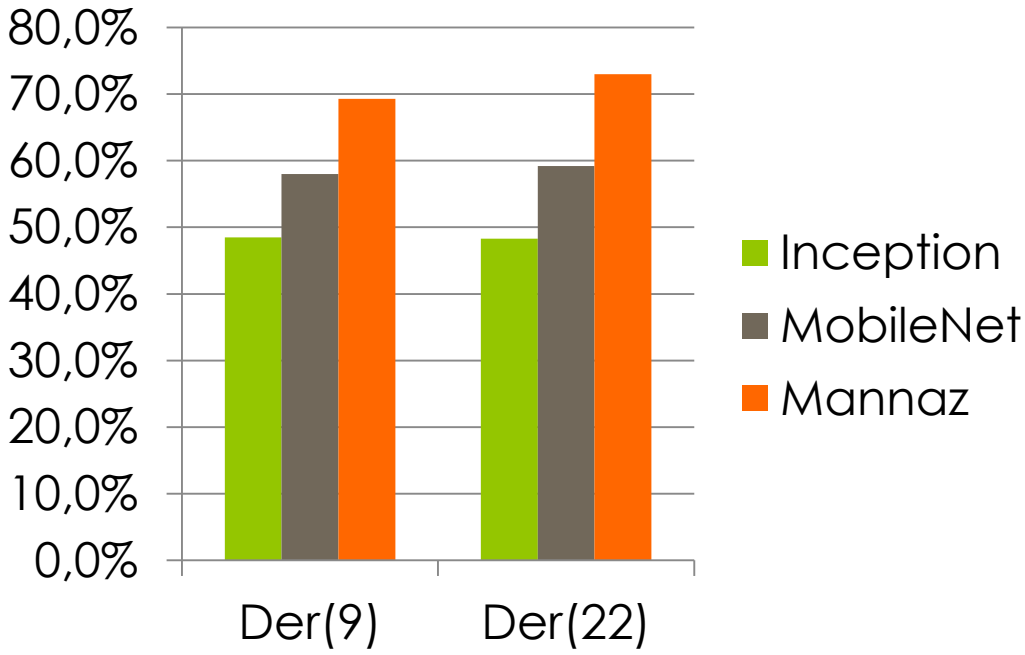
Résultats

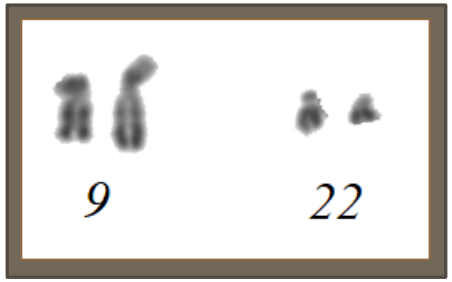
- Comparaison des résultats avec les logiciels existants



Résultats

- Translocation t(9;22)(q34;q11) : dérivé 9 et dérivé 22





Résultats

- **Translocation t(9;22)(q34;q11)**
  - Les dérivés 9 sont confondus avec des chromosomes 9 et 10 normaux
  - Test de reconnaissance avec ces trois catégories : précision de **51%** au final pour la reconnaissance des dérivés

Chr 9 Dérivé 9 Chr 10

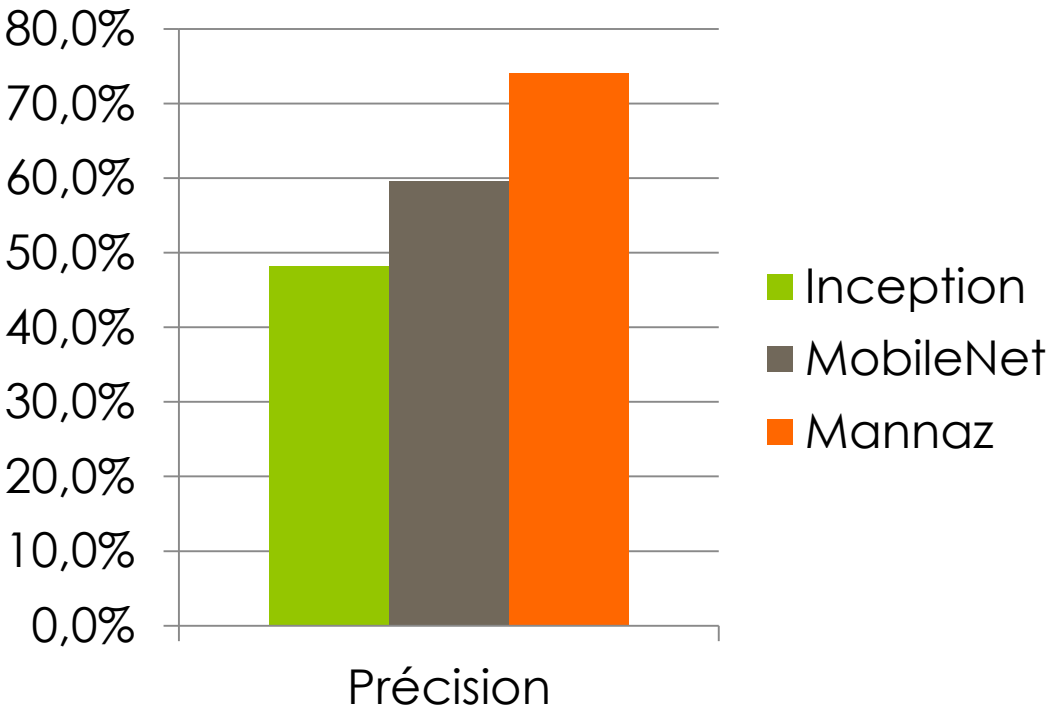
Résultats

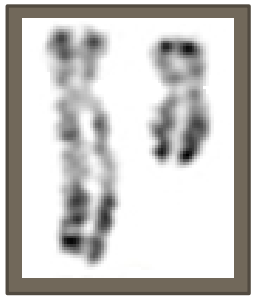
- **Translocation t(9;22)(q34;q11)**
  - Les dérivés 22 sont confondus avec des chromosomes 21 et 22 normaux
  - Test de reconnaissance avec ces trois catégories : précision de **54%** au final pour la reconnaissance des dérivés

Chr 22 Dérivé 22 Chr 21

Résultats

- Délétions du bras long du chromosome 5





5

Discussion, perspectives et conclusion

Discussion

- Reconnaissance des chromosomes

Discussion

- Reconnaissance des chromosomes
- Reconnaissance en sous-groupes

Discussion

- Reconnaissance des chromosomes
- Reconnaissance en sous-groupes
- Anomalies de structure

Perspectives

- Base de données

Perspectives

- Base de données
- Apprentissage non-supervisé

Perspectives

- Base de données
- Apprentissage non-supervisé
- Appariement

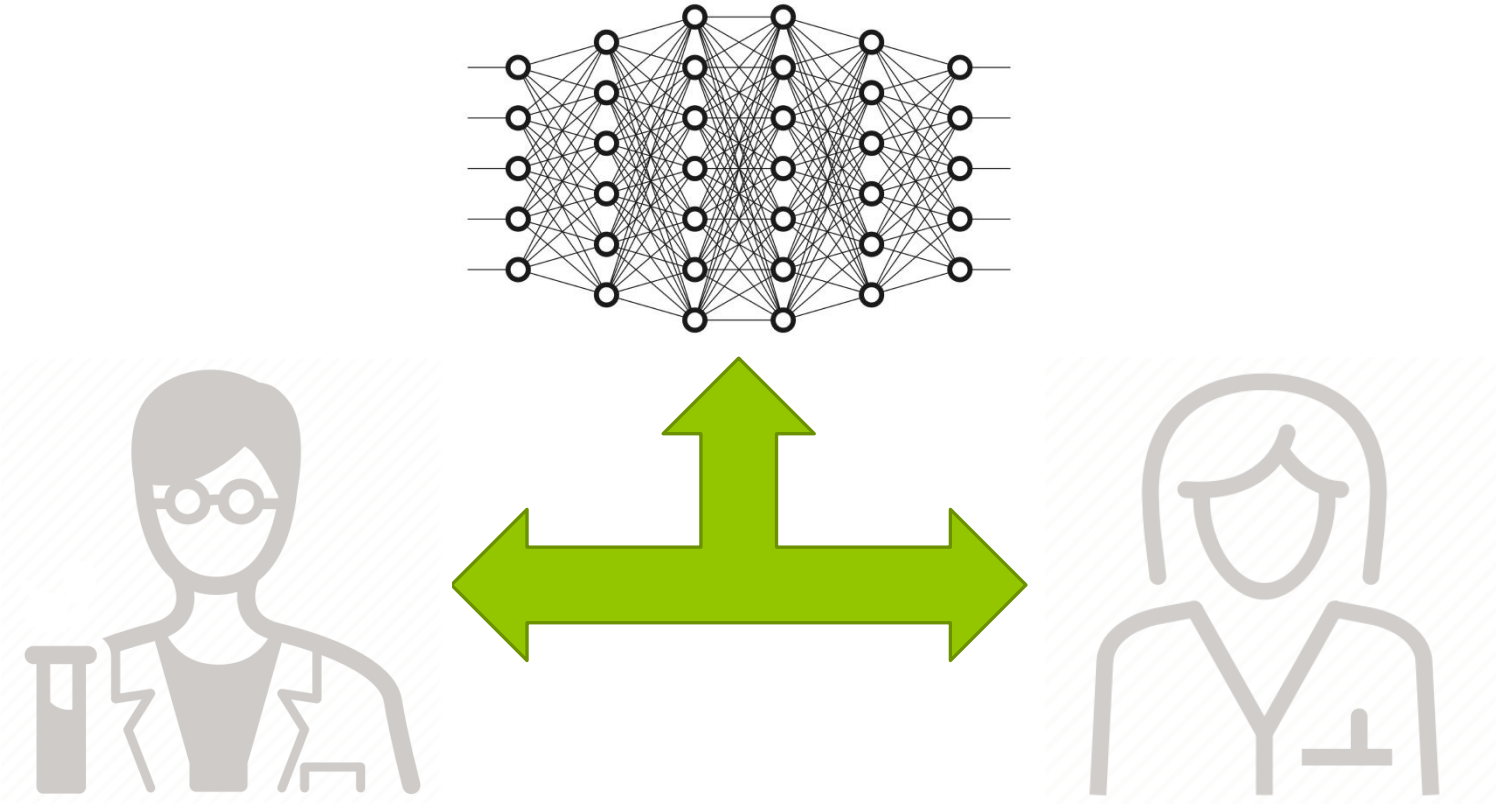
Perspectives

- Base de données
- Apprentissage non-supervisé
- Appariement
- Scores de classement

Perspectives

- Base de données
- Apprentissage non-supervisé
- Appariement
- Scores de classement
- Intégration à un système automatisé complet

Conclusion



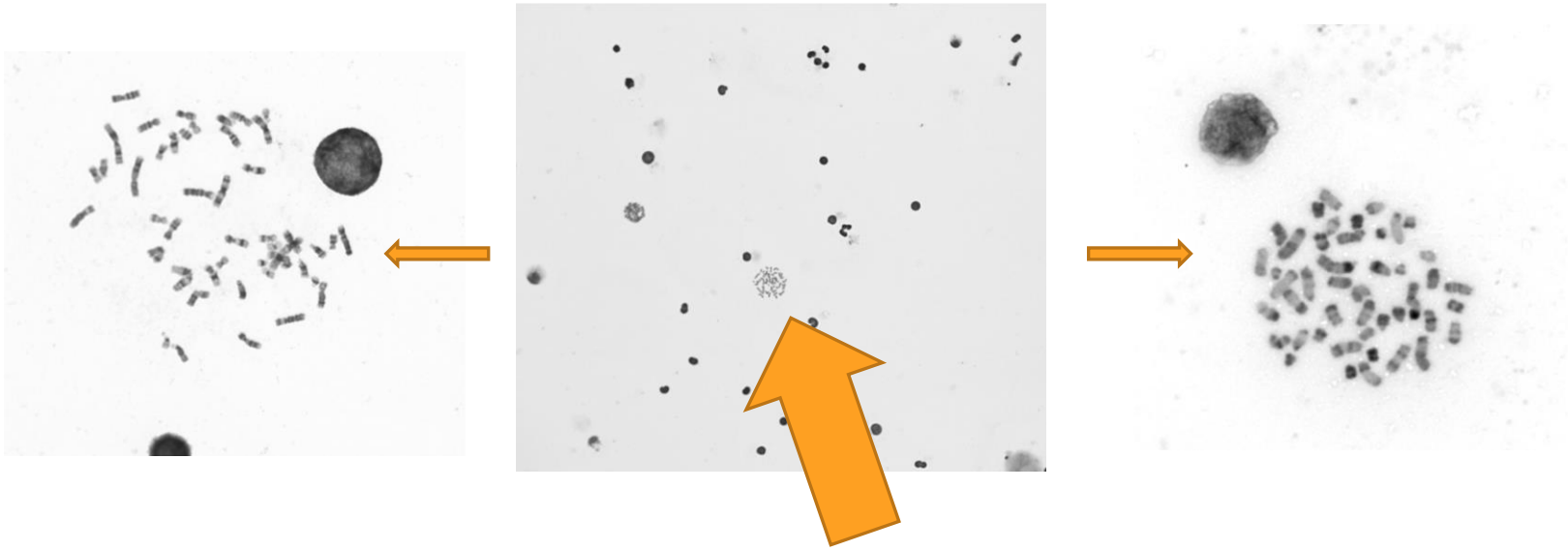
le cnam

Merci pour votre attention !

Données supplémentaires

Automatisation

- Temps de technique important nécessaire à la recherche de métaphases de bonne qualité

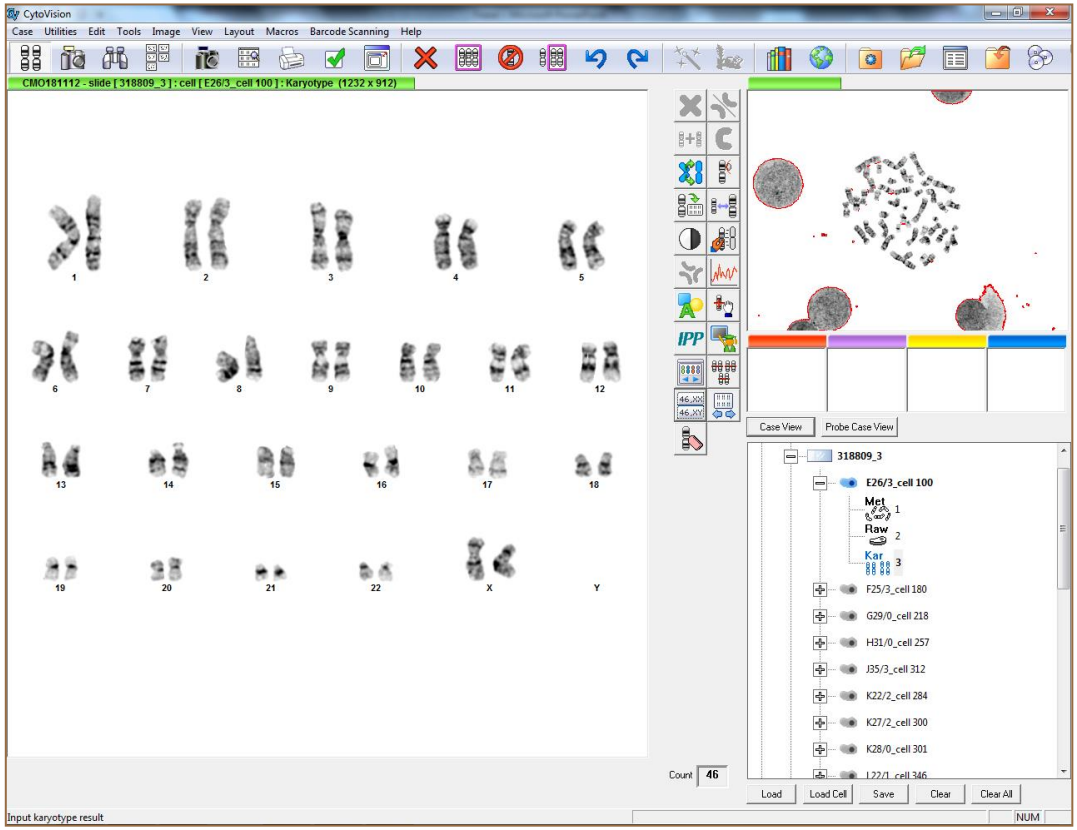


Automatisation

- Chercheur de métaphases

Automatisation

- Logiciel de caryotypage : Cytovision



I. Introduction

Reconnaissance vocale

Apprentissage profond

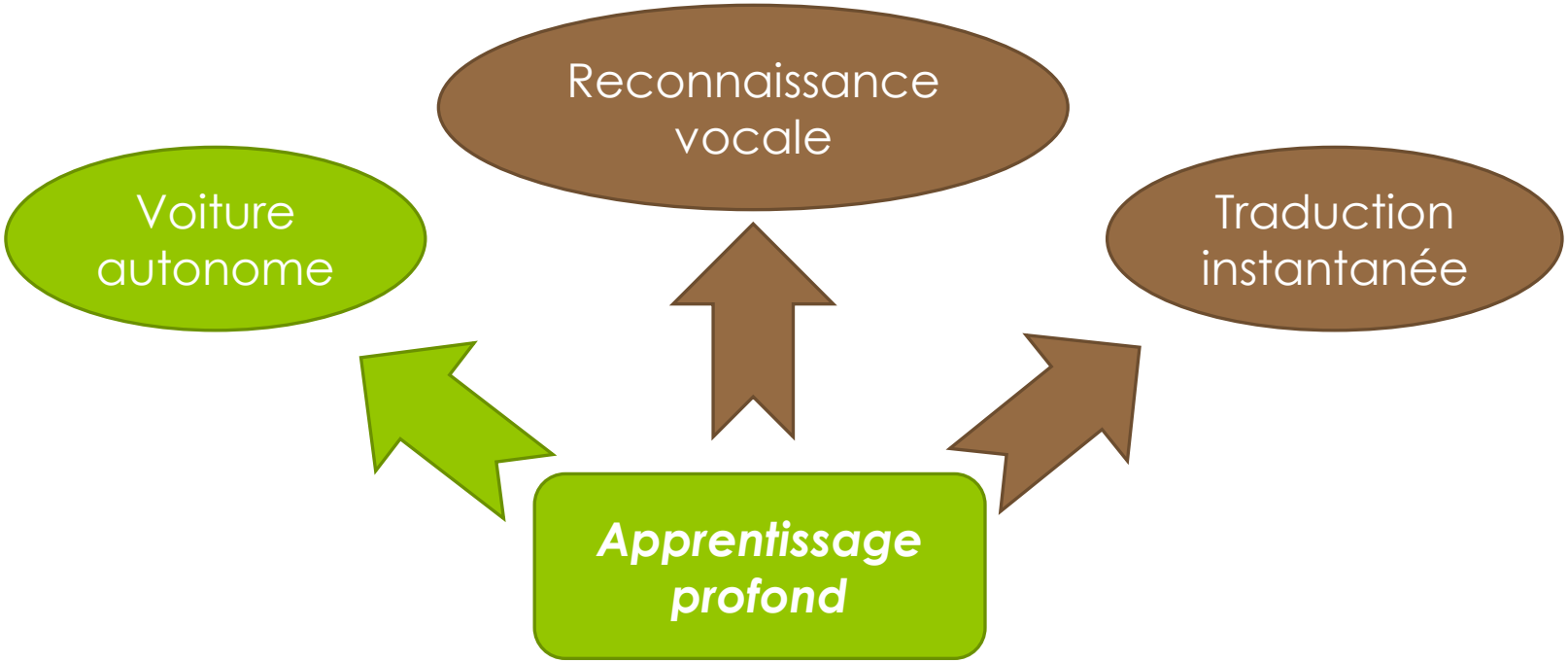
I. Introduction

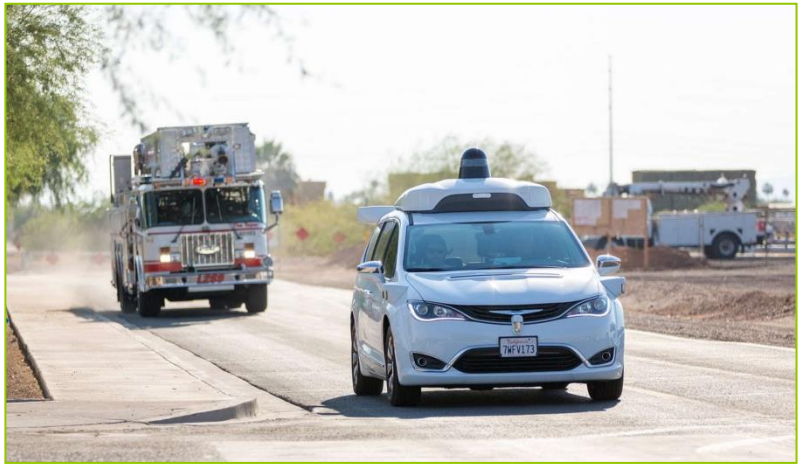
Reconnaissance vocale

Traduction instantanée

Apprentissage profond

I. Introduction





Réseaux utilisés

- Valeurs des hyper-paramètres par défaut

	Images par itération	Taux d'apprentissage
Inception	10	0,01
MobileNet	10	0,01
Mannaz	1	0,0001

Résultats

- Classification de Denver

	Précision
Inception	66,1%
MobileNet	71,3%
Mannaz	77,6%
Significativité	p<0,001

Résultats

- Reconnaissance acrocentriques et non-acrocentriques

	Précision
Inception	87,7%
MobileNet	88,5%
Mannaz	93,1%
Significativité	p<0,001

Résultats

- Classement en groupes D et G (si acrocentriques) ou en groupes A,B,C,E et F (si non-acrocentriques)

	Précision
Inception	93,5%
MobileNet	94,4%
Mannaz	95,7%
Significativité	p<0,001

	Précision
Inception	63,7%
MobileNet	72,1%
Mannaz	85,7%
Significativité	p<0,001

Résultats

- Classements des chromosomes à l'intérieur des groupes de Denver

	Précision
Groupe A	91,7%
Groupe B	94,3%
Groupe C	83,8%
Groupe D	90,5%
Groupe E	90,2%
Groupe F	91,2%
Groupe G	87,8%

Résultats

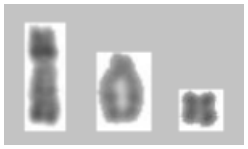
- Comparaison des méthodes séparées et par sous-groupes

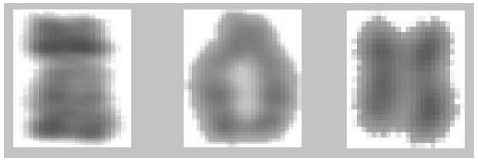
	Précision
Méthode séparée	76,5%
Méthode groupée	72,5%
Significativité	p<0,001

Résultats

- Reconnaissance des chromosomes

	Images brutes	Images déformées	Images réduites	Significativité
Inception	49,3%	48,3%	48,1%	p<0,05
MobileNet	61,6%	60,5%	59,9%	p<0,01
Mannaz	N/A	67,0%	76,5%	p<0,001
Significativité	p<0,001	p<0,001	p<0,001	





Résultats

- Comparaison des résultats avec les logiciels existants

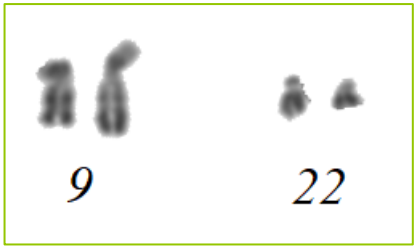
	Précision	Significativité
Mannaz	76,5%	N/A
Cytovision	67,2%	$p<0,001$
Lucky	76,9%	$p>0,05$

Résultats

- Translocation t(9;22)(q34;q11) : dérivé 9 et dérivé 22

	Précision
Inception	48,5%
MobileNet	58,0%
Mannaz	69,3%
Significativité	p<0,001

	Précision
Inception	48,3%
MobileNet	59,2%
Mannaz	73,0%
Significativité	p<0,001



Résultats

- Délétions du bras long du chromosome 5

	Précision
Inception	48,2%
MobileNet	59,6%
Mannaz	74,0%
Significativité	p<0,001