

MEDIOS DE COMUNICACIÓN

Conception d'un outil qui révolutionne l'analyse des images biomédicales.

Des chercheurs de l'Universidad Carlos III de Madrid (UC3M), de l'Instituto de Investigación Sanitaria Gregorio Marañón (IISGM) et des collaborateurs d'autres institutions de la Suisse et la Suède ont développé un outil dénommé *deeplmageJ* qui permet de traiter facilement et d'analyser des images biomédicales (obtenues par exemple, avec des microscopes ou des scanners radiologiques) en utilisant des modèles basés sur l'intelligence artificielle qui améliorent la qualité des images ou identifient et classent des éléments spécifiques contenues dans les images, entre autres tâches.

Les modèles d'apprentissage profond (*deep learning* en anglais) ont entraîné une avancée considérable pour les nombreux domaines de recherche et d'innovation qui exploitent les informations des images, tels que le diagnostic clinique par imagerie ou le développement de nouveaux médicaments. Dans le domaine de l'image biomédicale, par exemple, ces modèles peuvent être utilisés pour traiter d'immenses collections de données, détecter des lésions dans les tissus organiques, identifier des synapses entre les neurones et déterminer la structure à la fois de la membrane et des noyaux cellulaires.

« Au cours des cinq dernières années, le traitement des images s'est éloigné des méthodes mathématiques traditionnelles et qui étaient basées sur l'observation pour s'orienter vers le traitement axé sur les données et l'intelligence artificielle. Cette avancée majeure rend la détection et l'identification des données plus faciles, plus rapides et de plus en plus automatisées, notamment dans le domaine de la recherche biomédicale. Cependant, l'utilisation de modèles d'apprentissage profond nécessite des compétences en programmation que peu de chercheurs en sciences de la vie possèdent. C'est précisément pour faciliter leur travail qu'un groupe d'experts en traitement d'images de différentes institutions a développé *deeplmageJ*, un outil à code source ouvert présenté dans un article publié ce mois-ci dans la revue *Nature Methods* », explique l'une des principales chercheuses du projet, Arrate Muñoz Barrutia, professeure du département de bio-ingénierie et d'ingénierie aérospatiale de l'UC3M et chercheuse principale à l'Instituto de Investigación Sanitaria Gregorio Marañón.

Utilisation des réseaux de neurones dans la recherche biomédicale

Ce type d'intelligence artificielle nécessite une phase d'apprentissage basée sur des exemples pour apprendre à effectuer une tâche à partir d'une quantité considérable de données annotées au préalable. Il fonctionne de la même manière que les logiciels des systèmes de vidéosurveillance (en anglais, *CCTV systems*) qui effectuent une reconnaissance faciale, ou dans les filtres des applications mobiles qui sont capables d'améliorer les photos. Les modèles d'apprentissage profond sont basés sur des architectures informatiques sophistiquées appelées réseaux de neurones artificiels. Ces réseaux se composent de plusieurs couches de traitement qui peuvent modéliser les données à différents niveaux d'abstraction. Par exemple, pour reconnaître certains types de cellules ou de lésions dans les tissus ou pour améliorer la qualité des images.

Une fois entraînés, les informations nécessaires à l'exécution de la tâche, que l'on appelle le modèle de calcul du réseau de neurones, sont stockées dans un fichier structuré sur l'ordinateur qui peut être facilement réutilisé avec *deeplmageJ*. En effet, *deeplmageJ* permet à un chercheur n'importe où dans le monde d'appliquer de manière simple les modèles d'apprentissage profond entraînés, par exemple, par

MEDIOS DE COMUNICACIÓN

informaticiens en Espagne. « Cet outil comble le fossé entre les réseaux de neurones artificiels et les chercheurs biomédicaux qui peuvent désormais demander à un informaticien de concevoir et d'entraîner un algorithme d'apprentissage automatique pour effectuer une tâche spécifique, pour ensuite utiliser le modèle, facilement, par le biais d'une interface utilisateur, sans voir une seule ligne de code », explique Daniel Sage, chercheur à l'École Polytechnique Fédérale de Lausanne (*EPFL Center for Imaging*, Suisse) qui supervise le développement du projet.

Un logiciel collaboratif à code source ouvert

L'outil est publié sous forme de logiciel à code source ouvert et est gratuit. Il est conçu comme une ressource collaborative permettant aux ingénieurs, informaticiens, mathématiciens et biologistes de travailler ensemble plus efficacement. En d'autres termes, les chercheurs du monde entier peuvent contribuer à l'amélioration de *deepImageJ* en partageant leurs expériences utilisateur, ainsi qu'en proposant des améliorations et en demandant des mises à jour.

« Notre objectif est que cette ressource puisse être utilisée par un nombre croissant de chercheurs à partir de n'importe quel ordinateur conventionnel et sans avoir besoin de compétences en programmation. En outre, notre groupe de recherche développe des séminaires, du matériel de formation et des ressources en ligne afin que les utilisateurs puissent se familiariser rapidement avec la nouvelle méthode. Plus les utilisateurs utilisent l'outil, plus l'interaction entre les développeurs et les chercheurs biomédicaux est grande. Cela permettra d'accélérer la diffusion des nouveaux développements technologiques et, surtout, de faire progresser la recherche biomédicale », déclare la professeure Arrate Muñoz.

Publication dans *Nature Methods*

Les principaux auteurs de l'étude sont Arrate Muñoz Barrutia (UC3M et IISGM) et Daniel Sage (EPFL). Avec leurs équipes, formées par Estibaliz Gómez de Mariscal, Carlos García López de Haro, Michael Unser et Laurène Donati, et des collaborateurs de l'École royale polytechnique (KTH) de Stockholm (Suède), Wei Ouyang et Emma Lundberg, ils ont réussi à faire publier le projet *deepImageJ* dans la revue *Nature Methods*. Il s'agit d'une publication scientifique mensuelle révisée qui fournit des informations pertinentes sur les nouvelles techniques scientifiques et les méthodes de laboratoire. Ce travail a également reçu une aide économique du ministère des Sciences, de l'Innovation et des Universités, de l'Agence espagnole de la recherche, du gouvernement espagnol, es fonds FEDER, de l'action COST NEUBIAS, d'une bourse Leonardo 2017 de la Fondation BBVA, du EPFL Center for Imaging, Erling-Persson Family Foundation and Kunt and Alice Wallenger Foundation.

Pour plus d'informations :

L'article publié dans la revue *Nature Methods* est disponible sur le lien suivant :
<https://www.nature.com/articles/s41592-021-01262-9>

Informations sur *deepImageJ* sur le site Web :
<https://deepimagej.github.io/deepimagej/index.html>