



Bienvenue!

**ÉCOLE D'ÉTÉ FRANCOPHONE
EN APPRENTISSAGE PROFOND**

21-25 août 2017

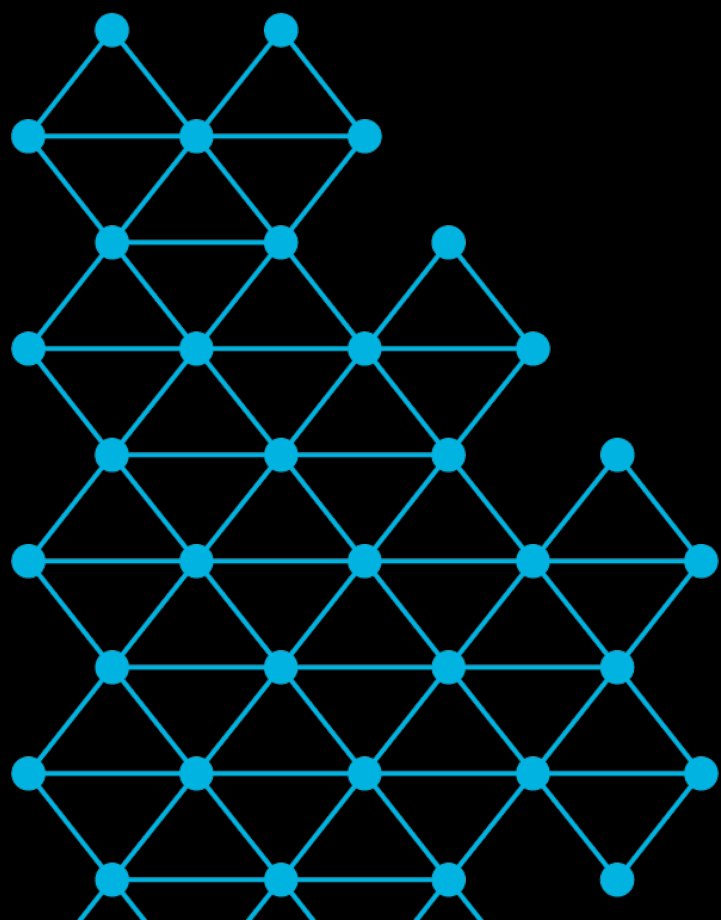
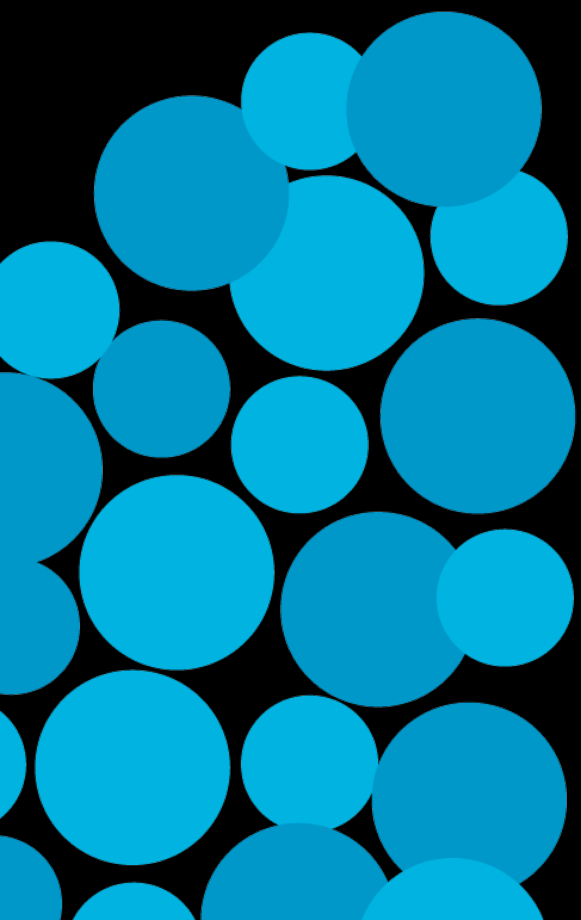


IVADO

HEC Montréal
Polytechnique Montréal
Université de Montréal

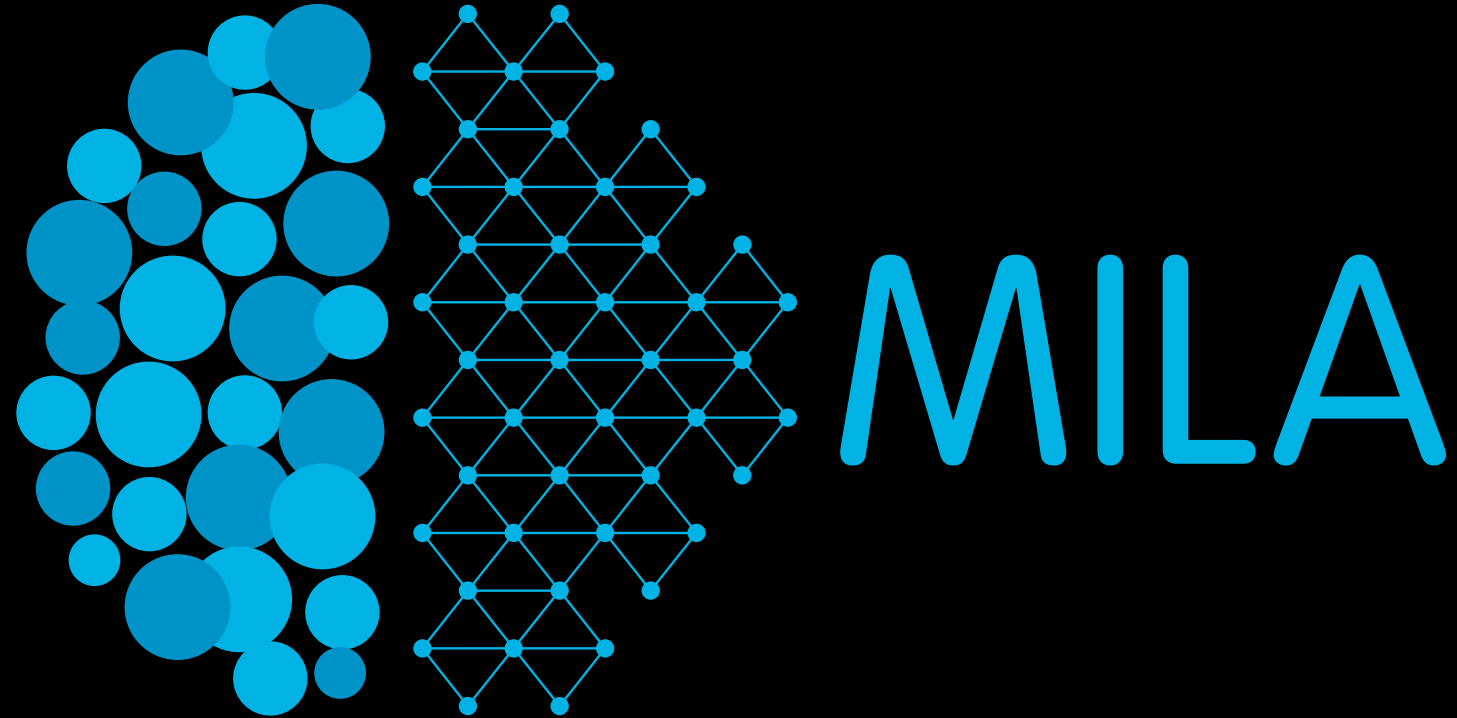


MILA



MILA

Institut
des algorithmes
d'apprentissage
de Montréal



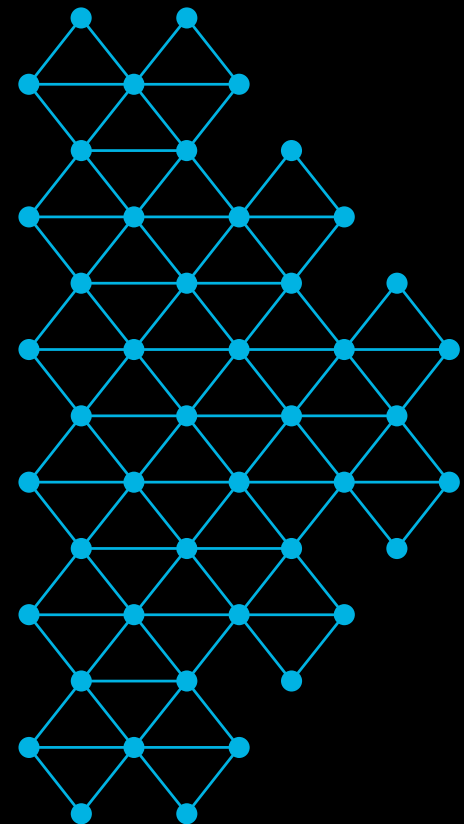
Université 
de Montréal

En pratique : domaine médical

Margaux Luck

Tristan Sylvain

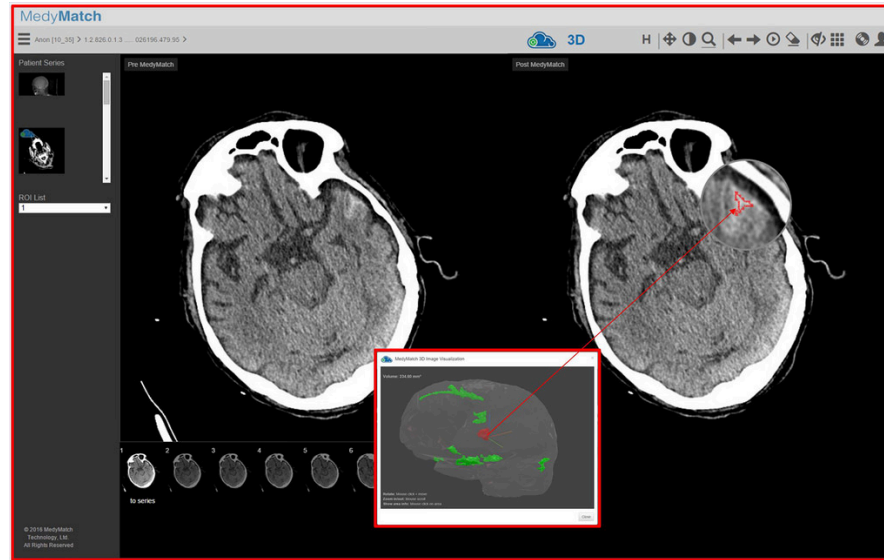
L'IA révolutionne le secteur de la santé



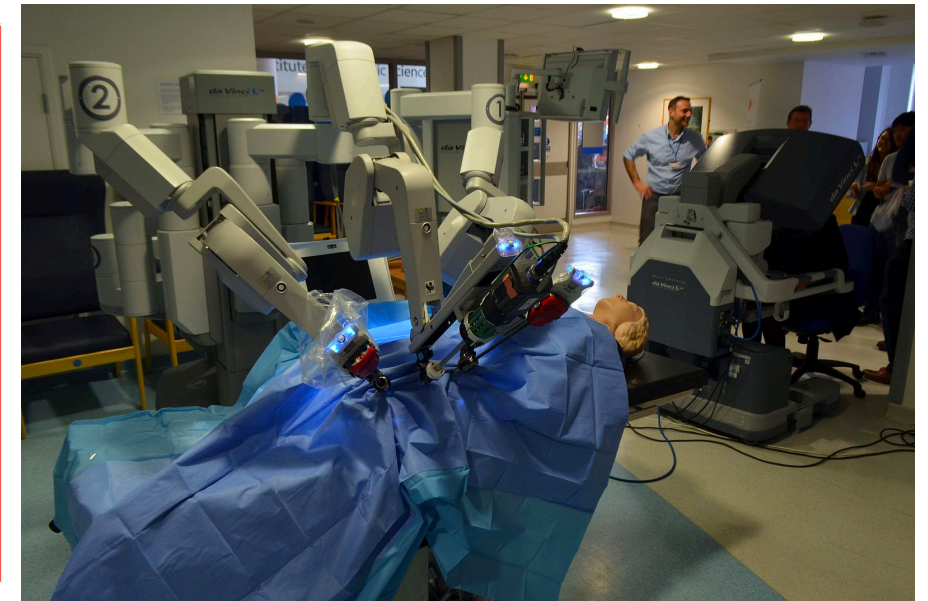
[1]



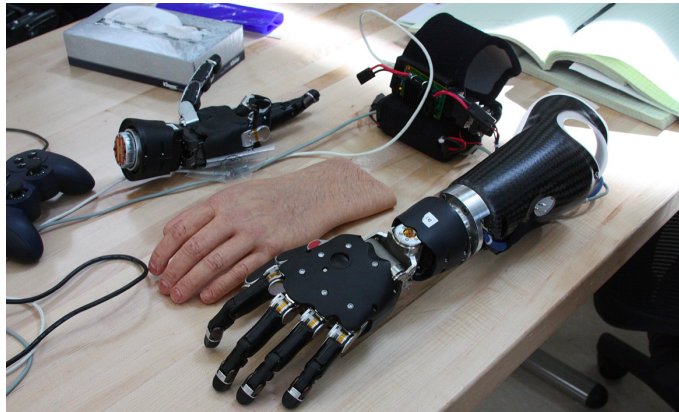
[2]



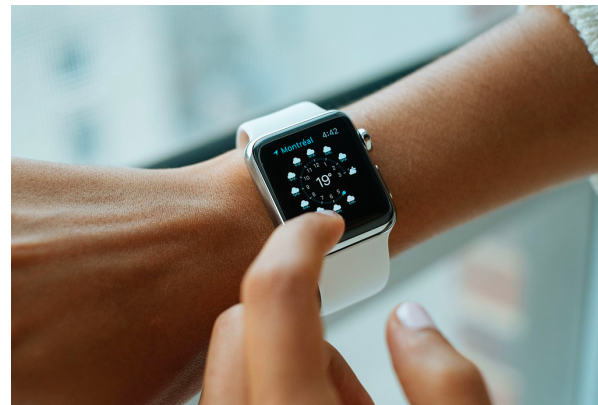
[3]



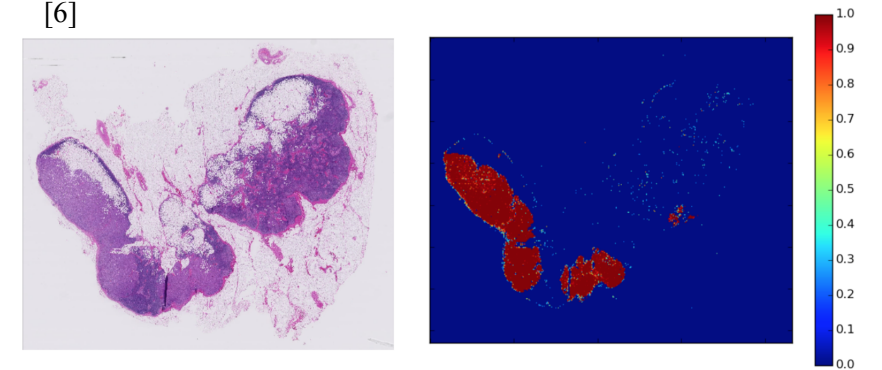
[4]



[5]



[6]



[1] Riba : robot pour aider les infirmières à porter les patients – Crédit photo : RIKEN-TRI Collaboration Center for Human-Interactive Robot Research

[2] IBM Watson Health intègre la technologie MedyMatch : détection de saignement intracrânien - Credit photo : MedyMatch

[3] https://fr.wikipedia.org/wiki/Fichier:Cmglee_Cambridge_Science_Festival_2015_da_Vinci.jpg - Crédit photo : Cmglee

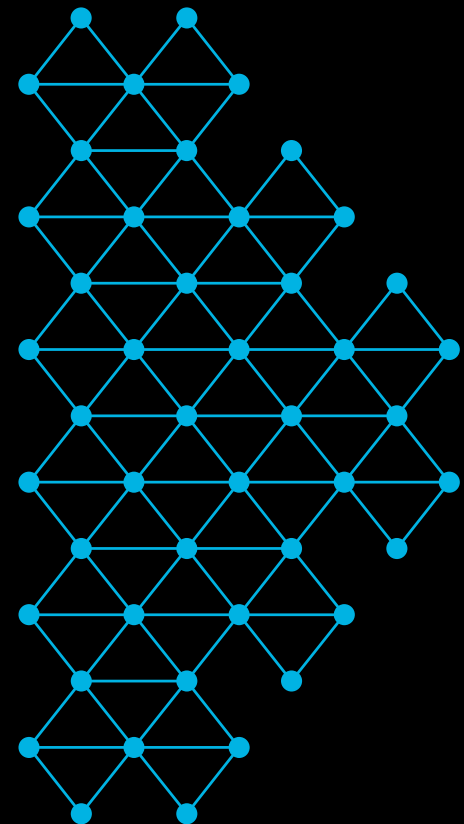
[4] Membre prothétique modulaire - Crédit photo : U.S. Navy photographer, Sarah Fortney

[5] Apple Watch - Crédit photo : <https://pixabay.com/en/smart-watch-apple-technology-style-821557/>

[6] <https://camelyon16.grand-challenge.org/> - Crédit image : Harvard Medical School, MIT, et EXB Research

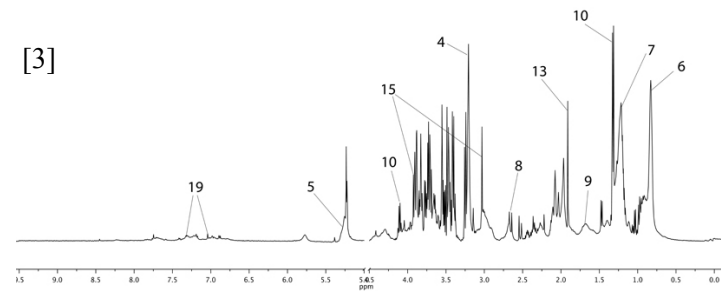
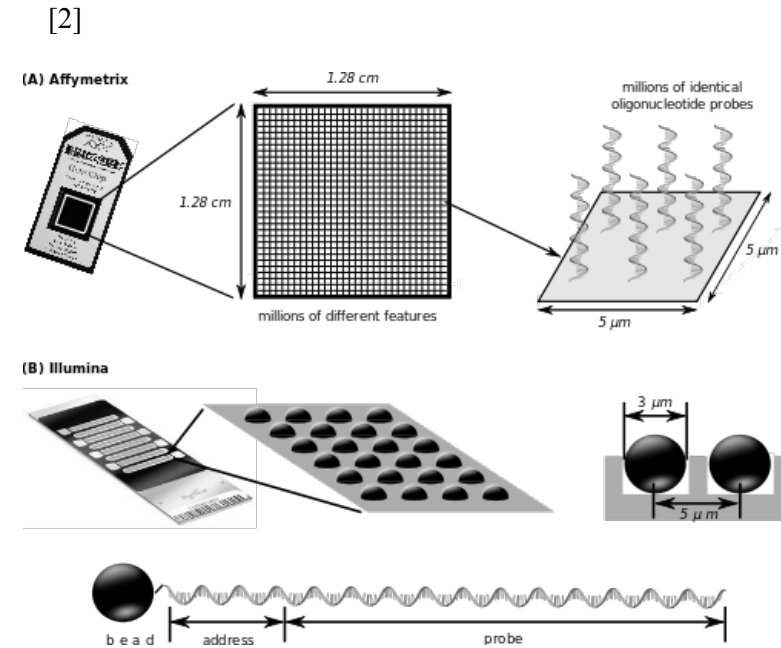
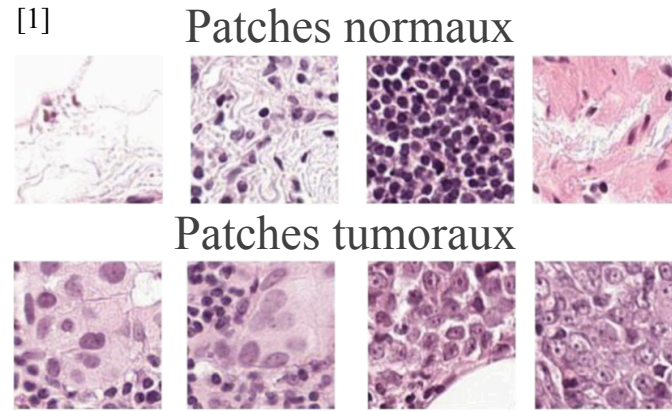
<https://www.youtube.com/watch?v=R2mC-NUAmMk>

Introduction



Particularités des données médicales

- Bruitées
- Souvent peu d'exemples
- Peu de granularité
- Difficultés d'accessibilité
- Parfois, plusieurs sources très différentes



[1] <https://camelyon16.grand-challenge.org/> - Crédit image : Harvard Medical School, MIT, and EXB Research

[2] Emmanuel Barillot, Laurence Calzone, Philippe Hupé, Jean-Philippe Vert, Andrei Zinovyev, Computational Systems Biology of Cancer Chapman & Hall/CRC Mathematical & Computational Biology, 2012

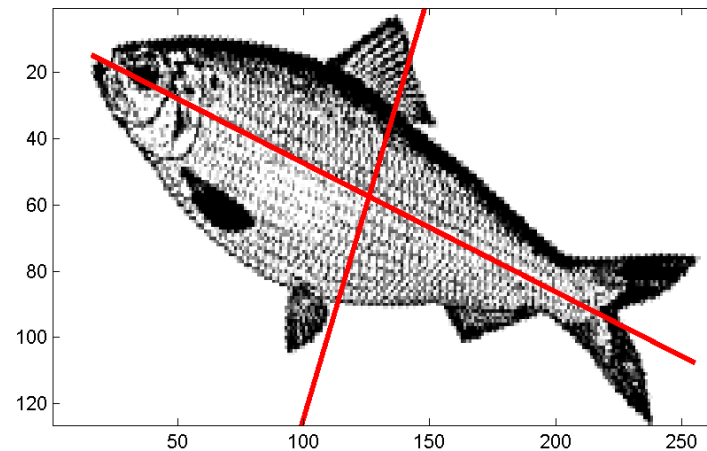
[3] Luck, M. M., Le Moyec, L., Barrey, E., Triba, M. N., Bouchemal, N., Savarin, P., & Robert, C. (2015). Energetics of endurance exercise in young horses determined by nuclear magnetic resonance metabolomics. *Frontiers in physiology*, 6.

Analyse classique

- Cross-validation
- Tests statistiques univariés
- Réduction de dimensionnalité

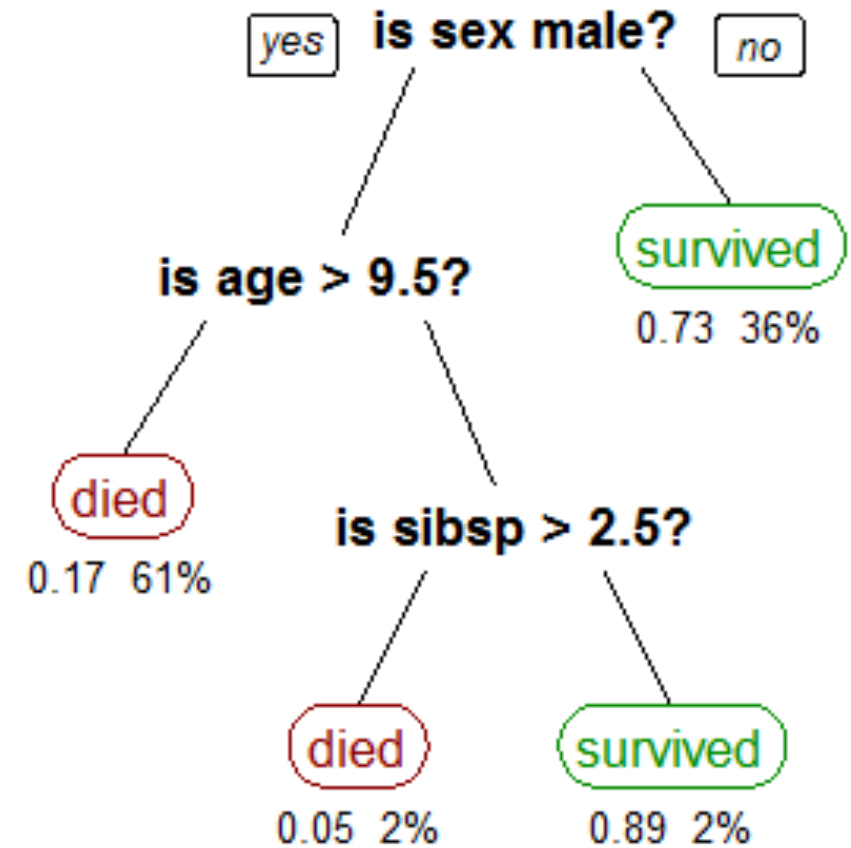
[2]

Analyse en composantes principales



[1]

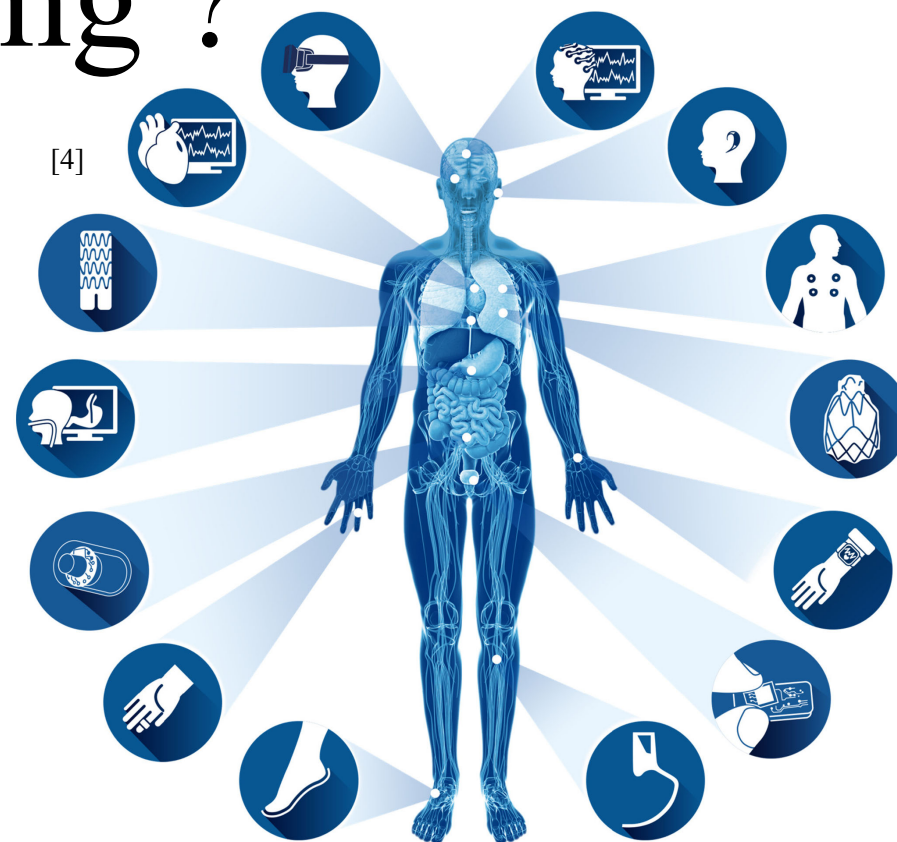
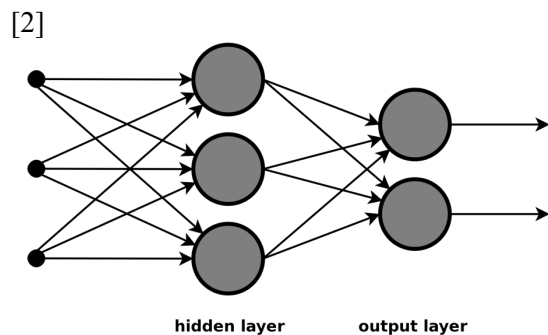
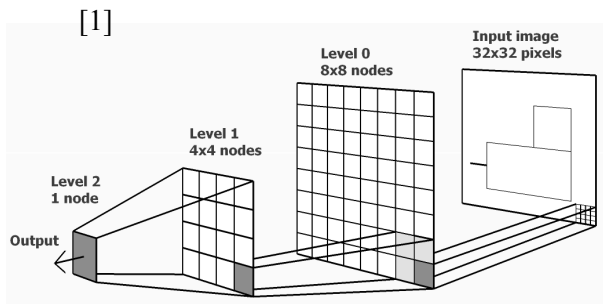
Arbres de décisions



[1] wikimedia : An example of a CART classification tree –Auteur : Stephen Milborrow

[2] wikimedia : Principle Component Analysis on an image of a fish. – Auteur : Lehalle

Pourquoi le Deep Learning ?



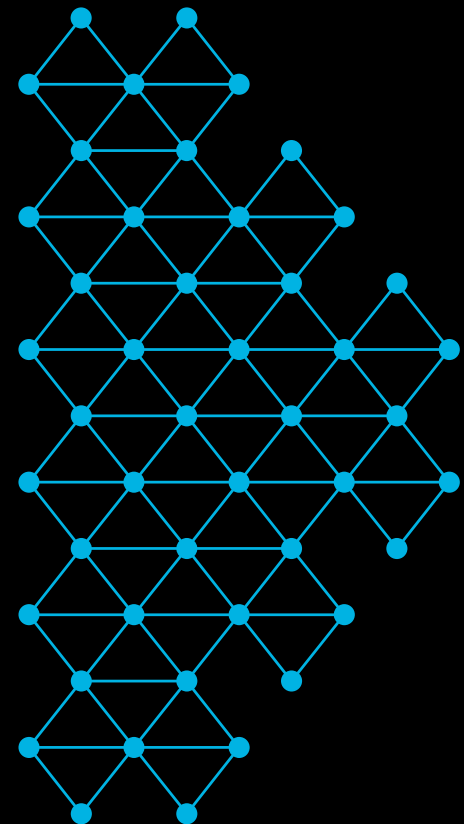
[1] wikimedia : An example hierarchy of Hierarchical Temporal Memory used for image recognition – Crédit image : Saulius Garalevicius

[2] wikimedia : A Neural network with multiple layers - Crédit image : Offnfopt

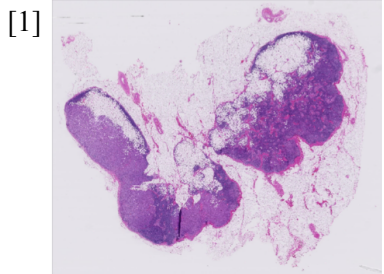
[3] <http://www.scienceimage.csiro.au/image/11313> - Crédit photo : division, CSIRO

[4] Ravi, D., Wong, C., Deligianni, F., Berthelot, M., Andreu-Perez, J., Lo, B., & Yang, G. Z. (2017). Deep learning for health informatics. IEEE journal of biomedical and health informatics, 21(1), 4-21.

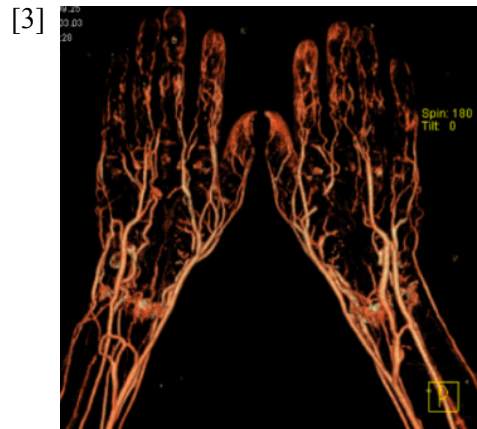
Deep Learning et imagerie médicale



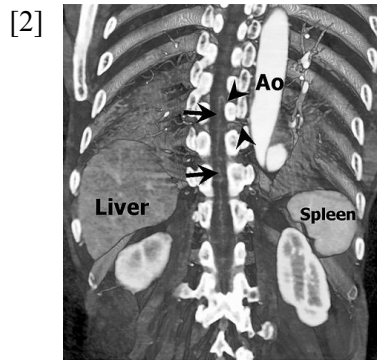
Imagerie structurelle et fonctionnelle



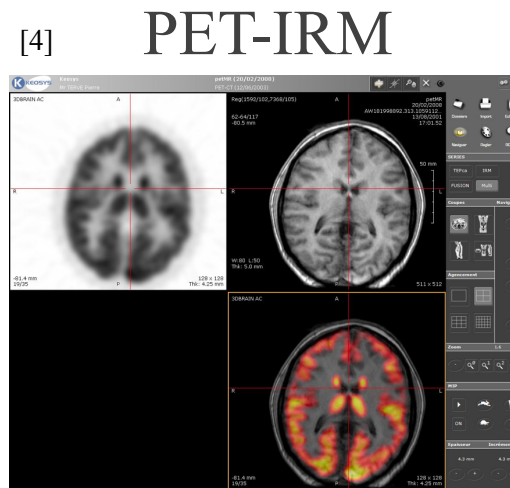
Histologie



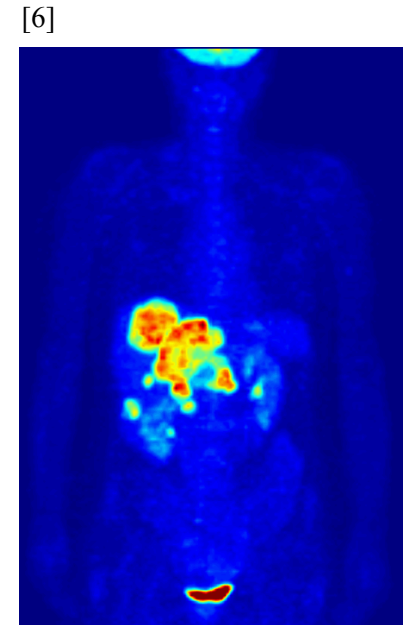
CT-Angiographie



CT-scan



Echographie



TEP

[1] <https://camelyon16.grand-challenge.org/> - Crédit image : Harvard Medical School, MIT, et EXB Research

[2] https://en.wikipedia.org/wiki/File:Artery_of_Adamkiewicz_CT_scan_OsiriX.jpg

[3] wikimedia : CT-Angiographie der Hände, kontrastmittelgestützt. Volume rendering, Siemens Somatom SR16. - Crédit photo : MBq at German Wikipedia

[4] wikimedia : PET-IRM-cabeza-keosys – Crédit image : Mco44

[5] wikimedia : Profil d'un embryon de 14 semaines. Embryo at 14 weeks (profile). Crédit photo : X.Compagnion (cropped by Hidro)

[6] wikimedia : <https://commons.wikimedia.org/wiki/File:PET-MIPS-anim.gif> - Crédit photo : Jens Maus (<http://jens-maus.de/>)

U-Net: Convolutional Networks for Biomedical Image Segmentation

Olaf Ronneberger, Philipp Fisher, and Thomas Brox

MICCAI 2015

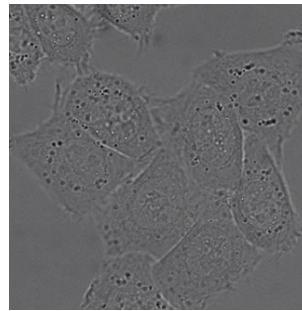
ronneber@informatik.uni-freiburg.de

Code: <https://lmb.informatik.uni-freiburg.de/people/ronneber/u-net/>

Segmentation sémantique de bout en bout

- Fonctionne bien avec peu d'exemples (30^{aine})
- Réseau à convolution : downsampling et upsampling, avec des skip connections

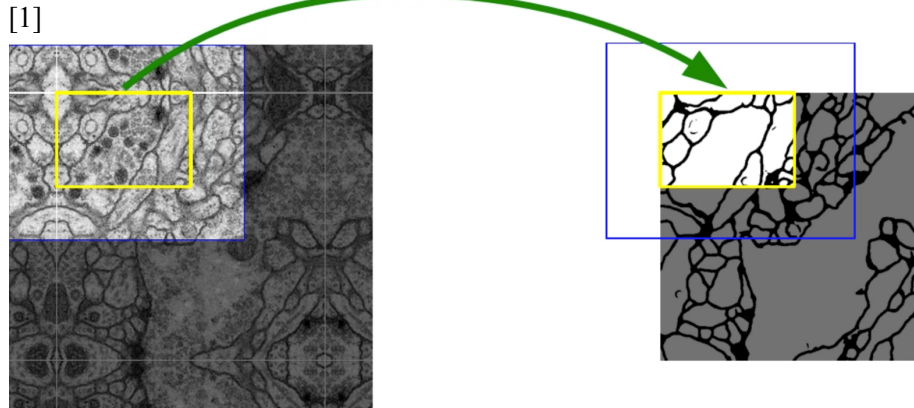
Image d'entrée :
coupe de cellules



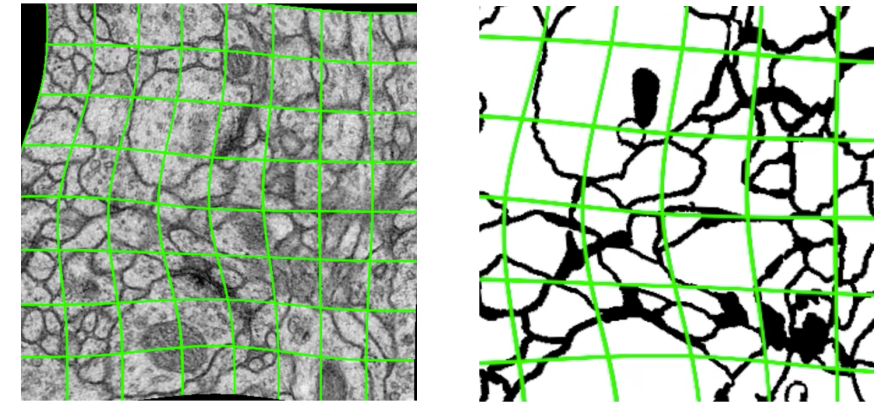
Segmentation de
l'image d'entrée :
regroupement des
pixels entre eux pour
séparer les cellules du
fonds

Préparation des données

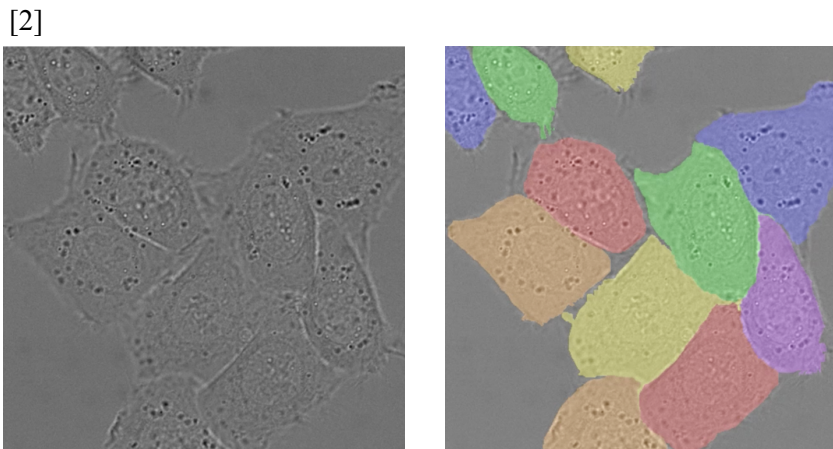
Pour de grandes images on calcule par dalles



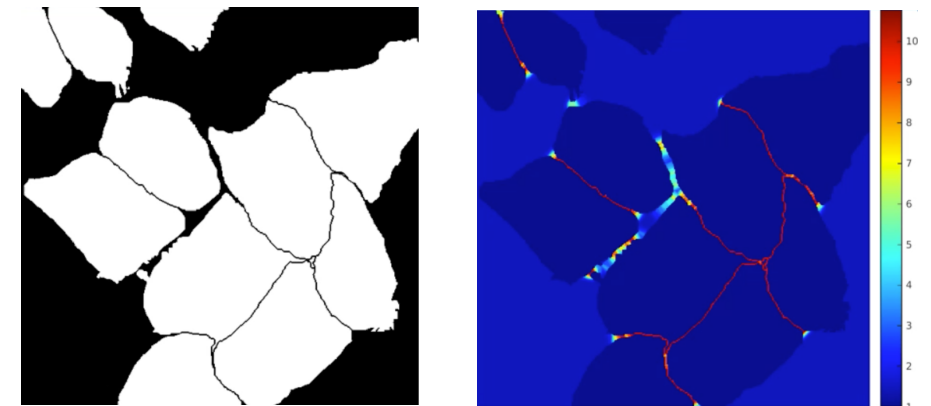
Augmentation de données par déformations



Segmentation d'objets d'une même classe se touchant



Séparation des objets agglomérés



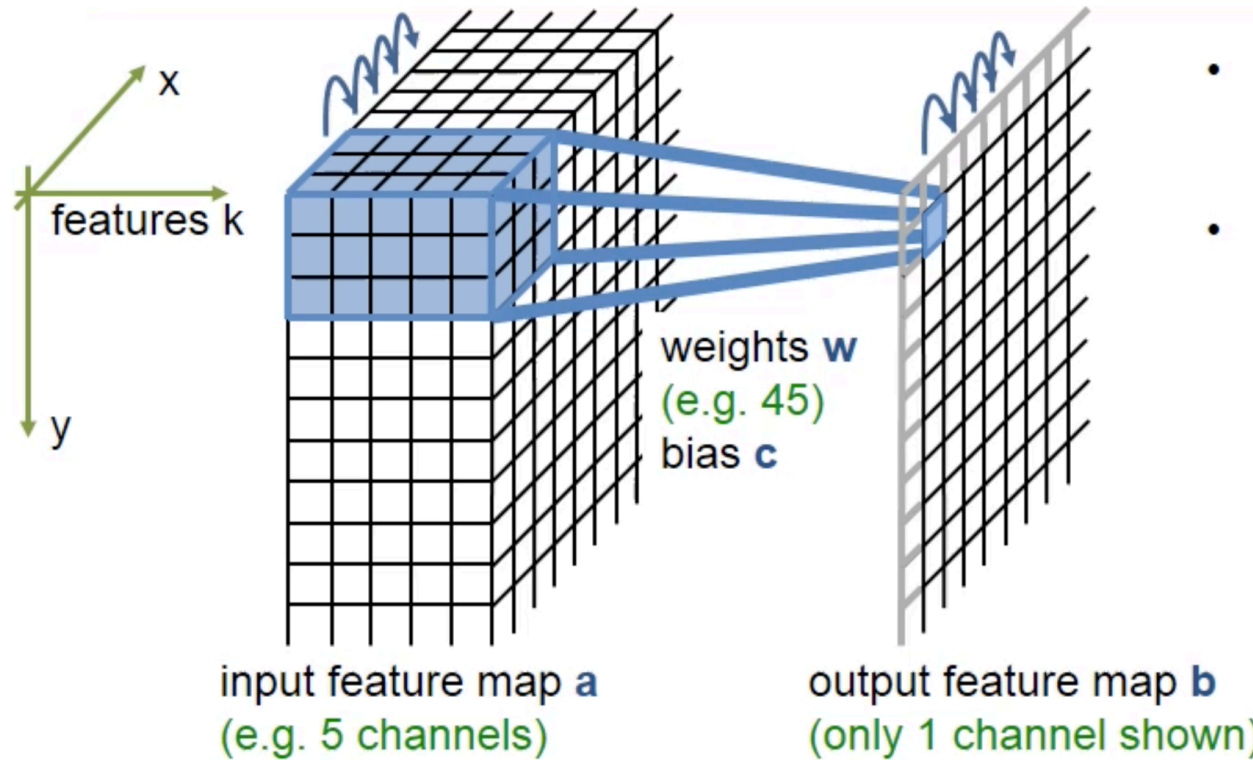
[Olaf Ronneberg](#), Philipp Fisher, and Thomas Brox. U-Net: Convolutional Networks for Biomedical Image Segmentation. MICCAI 2015.

Slide adaptée de la vidéo de présentation du papier par Olaf Ronneberg, University of Freiburg, Germany.

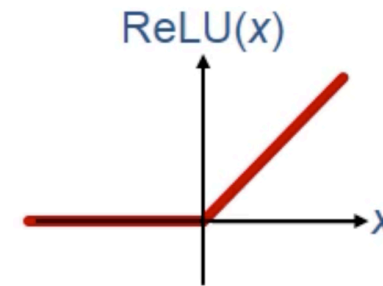
[1] Données produites par le challenge de segmentation ISBI 2012 EM. Cardona A. et al. : PLOS Biol 8(10), e1000502 (2010)

[2] Données produites par Dr. Gert vanCappellen, Erasmus Medical Center, Rotterdam. The Netherlands.

Convolution 3 x 3 + Relu



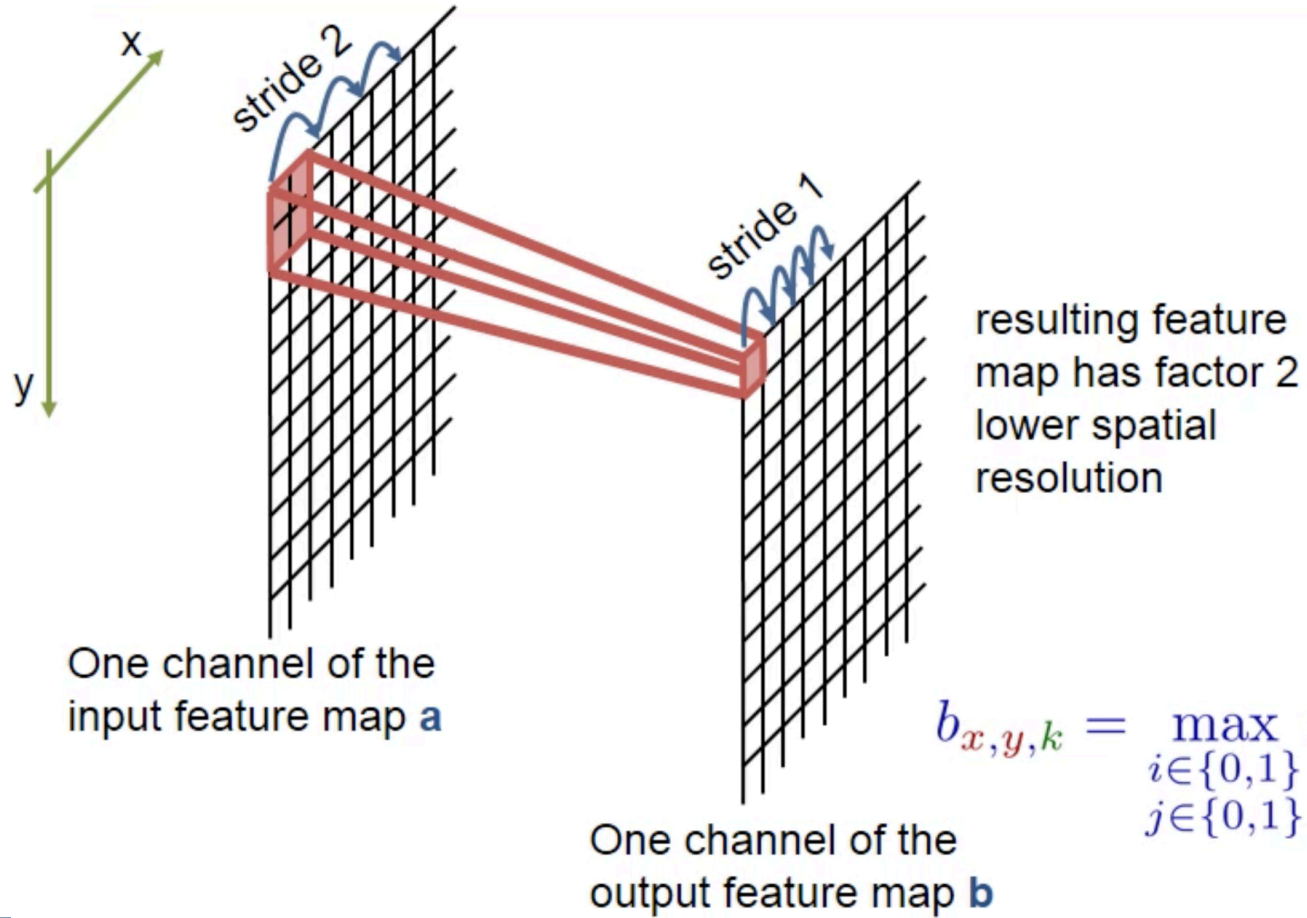
- Only valid part of convolution is used.
- For 3x3 convolutions a 1-pixel border is lost



$$b_{x,y,l} = \text{ReLU} \left(\sum_{\substack{i \in \{-1,0,1\} \\ j \in \{-1,0,1\} \\ k \in \{1, \dots, K\}}} w_{i,j,k,l} \cdot a_{x+i,y+j,k} + c_l \right)$$

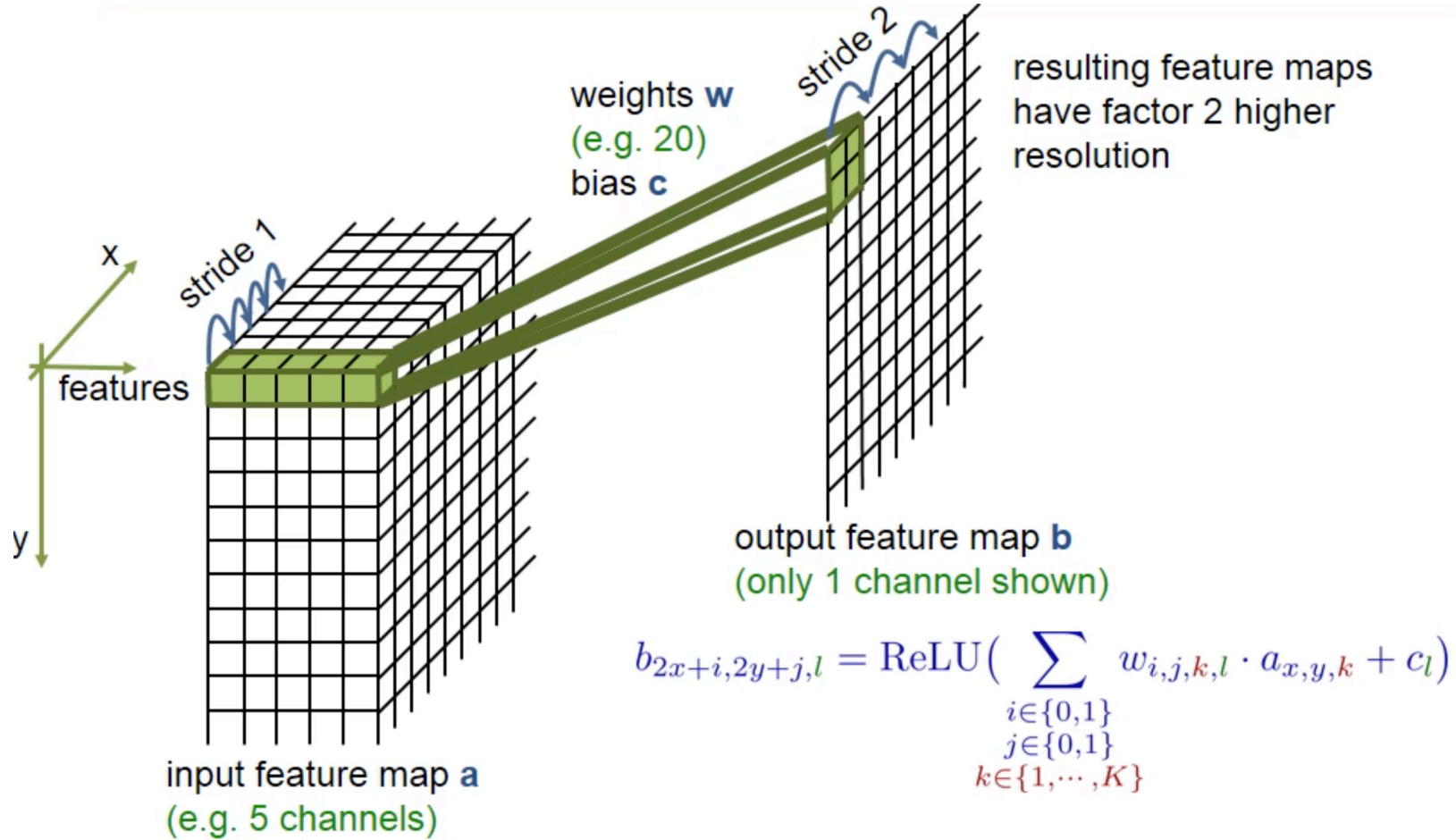
[Olaf Ronneberg](#), Philipp Fisher, and Thomas Brox. U-Net: Convolutional Networks for Biomedical Image Segmentation. MICCAI 2015.
Slide adaptée de la vidéo de présentation du papier par Olaf Ronneberg, University of Freiburg, Germany.

Max pooling 2 x 2



$$b_{x,y,k} = \max_{\substack{i \in \{0,1\} \\ j \in \{0,1\}}} (a_{2x+i,2y+j,k})$$

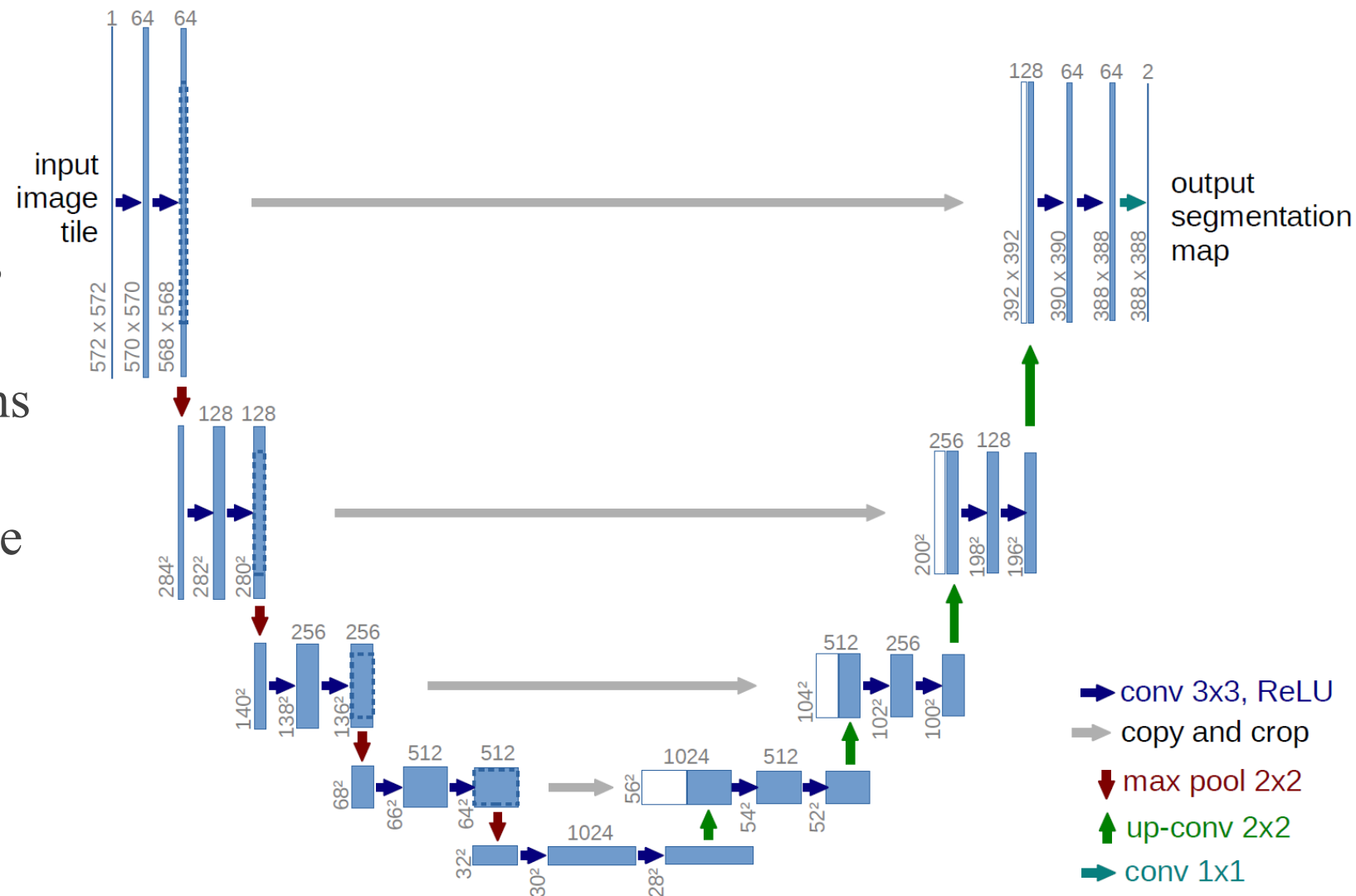
Up-convolution 2 x 2



Olaf Ronneberg, Philipp Fisher, and Thomas Brox. U-Net: Convolutional Networks for Biomedical Image Segmentation. MICCAI 2015.
Slide adaptée de la vidéo de présentation du papier par Olaf Ronneberg, University of Freiburg, Germany.

Architecture

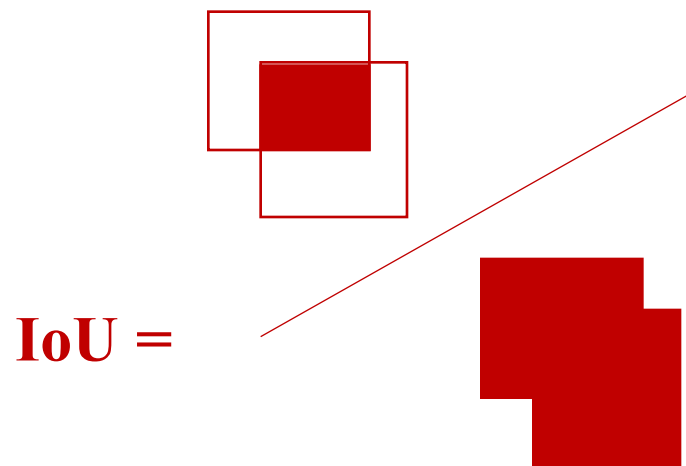
- Convolutions et activations non-linéaires
- L'upsampling : convolutions transposées
- Downsampling : couches de pooling
- Importance des skip connections pour la performance



Olaf Ronneberg, Philipp Fisher, and Thomas Brox. U-Net: Convolutional Networks for Biomedical Image Segmentation. MICCAI 2015.
Slide adaptée de la vidéo de présentation du papier par Olaf Ronneberg, University of Freiburg, Germany.

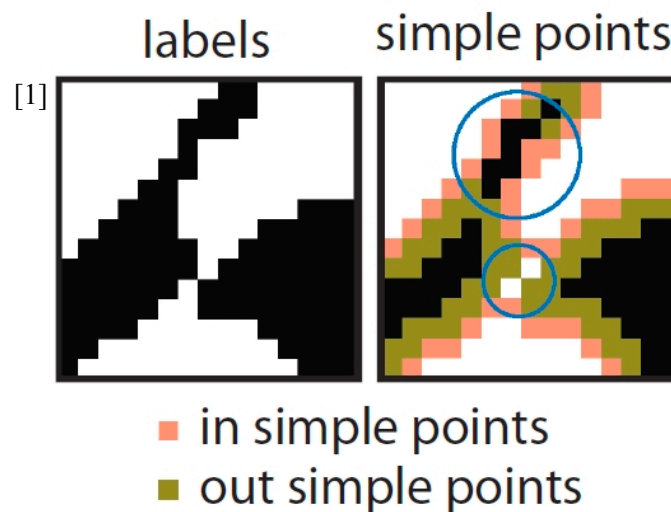
Scores utilisés en segmentation

Intersection over Union
(non différentiable)



Plus c'est proche de 1
mieux c'est !

Warping error (différentiable)



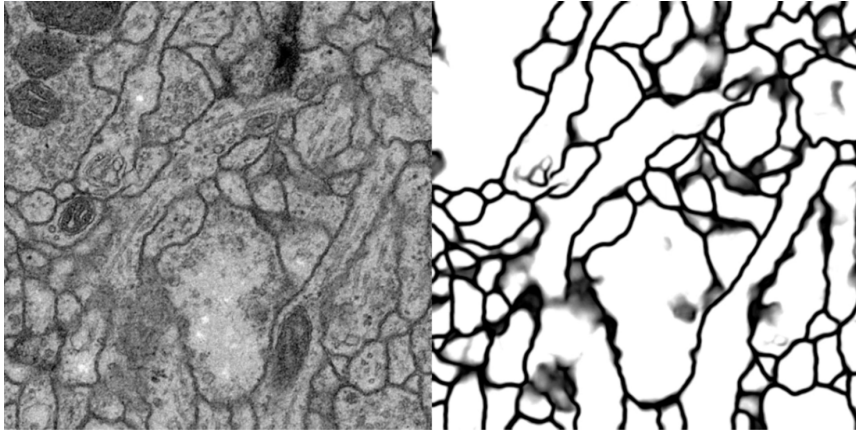
Si les points dans
les cercles changent
de couleur c'est
mauvais car la
topologie change !

Tolérance au niveau des limites des objets
mais pénalisation si la topologie des objets
n'est pas respectée

[1] https://imagej.net/Topology_preserving_warping_error

Résultats

[1]



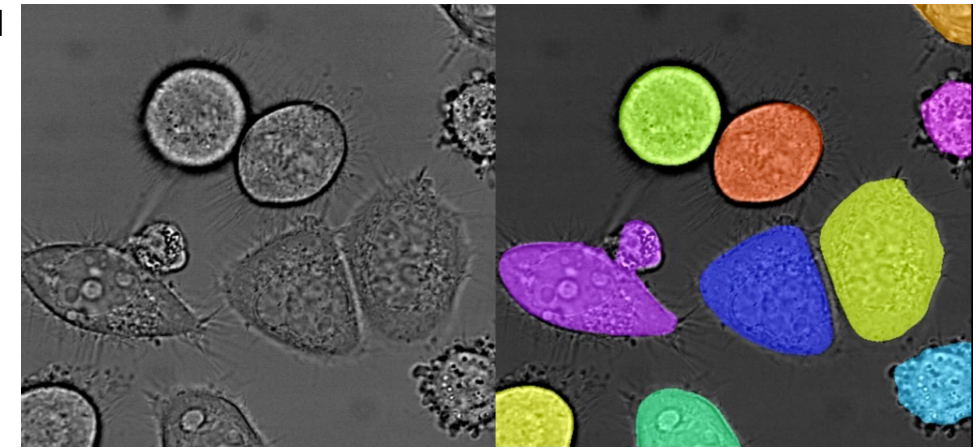
Segmentation de structures neuronales par microscopie électronique (ISBI EM challenge 2012)

- Score : **0.000353 warping error** (sliding window CNN model : 0.000420)
- Rapide : entraînement (10h) & test (1s/image)

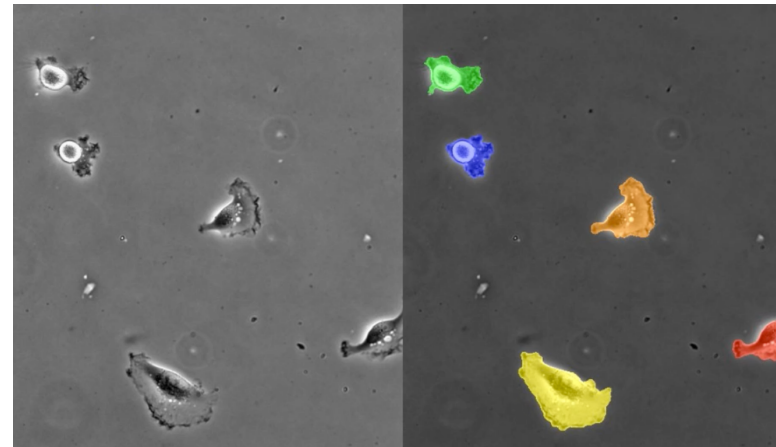
ISBI Cell tracking challenge 2015 : DIC-HeLa

Score : **77.6% IoU**
(2nd best model : 46.0%)

[3]



[2]



ISBI cell tracking challenge 2015 : PhC-U373

Score : **92% IoU**
(2nd best model : 83 %)

Olaf Ronneberg, Philipp Fisher, and Thomas Brox. U-Net: Convolutional Networks for Biomedical Image Segmentation. MICCAI 2015.
Slide adaptée de la vidéo de présentation du papier par Olaf Ronneberg, University of Freiburg, Germany.

[1] Données produites par le challenge de segmentation ISBI 2012 EM.

[2] Données produites par le Dr. Senjay Kumar. Département de Bioengineering University of California at Berkeley. Berkeley CA (USA).

[3] Données produites par Dr. Gert vanCappellen, Erasmus Medical Center, Rotterdam. The Netherlands.

Count-ception: Counting by Fully Convolutional Redundant Counting

Joseph Paul Cohen, Henry Z. Lo, Yoshua Bengio

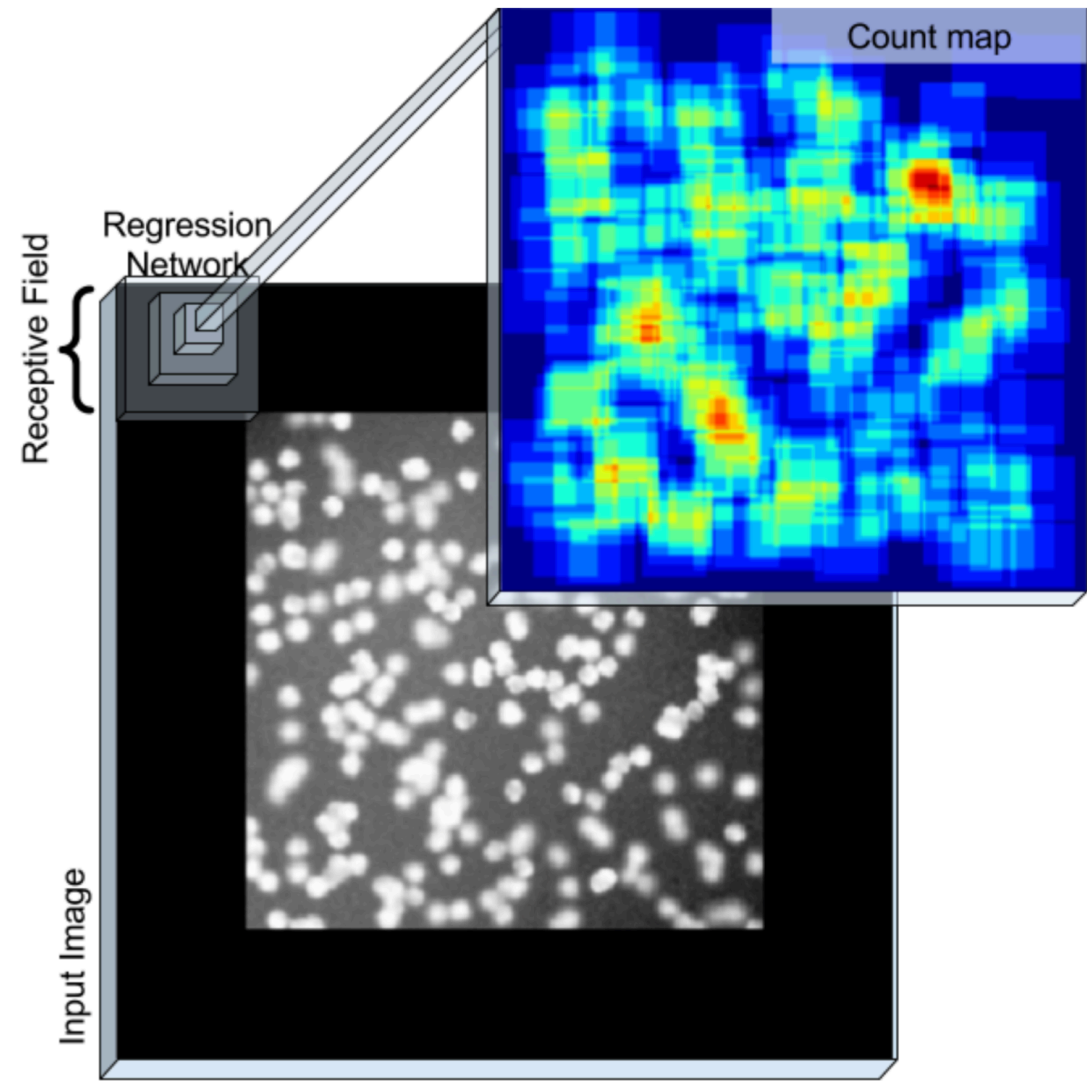
arXiv 2017

cohenjos@iro.umontreal.ca

Code: <https://github.com/ieee8023/NeuralNetwork-Examples/tree/master/theano/counting>

Comptage redondant entièrement convolutif

Application: études de culture cellulaire



Joseph Paul Cohen, Henry Z. Lo, Yoshua Bengio. Count-ception: Counting by Fully Convolutional Redundant Counting. arXiv 2017.
Données : VGG Cell Dataset from Learning To Count Objects in Images. Lempitsky, V. and Zisserman, A.

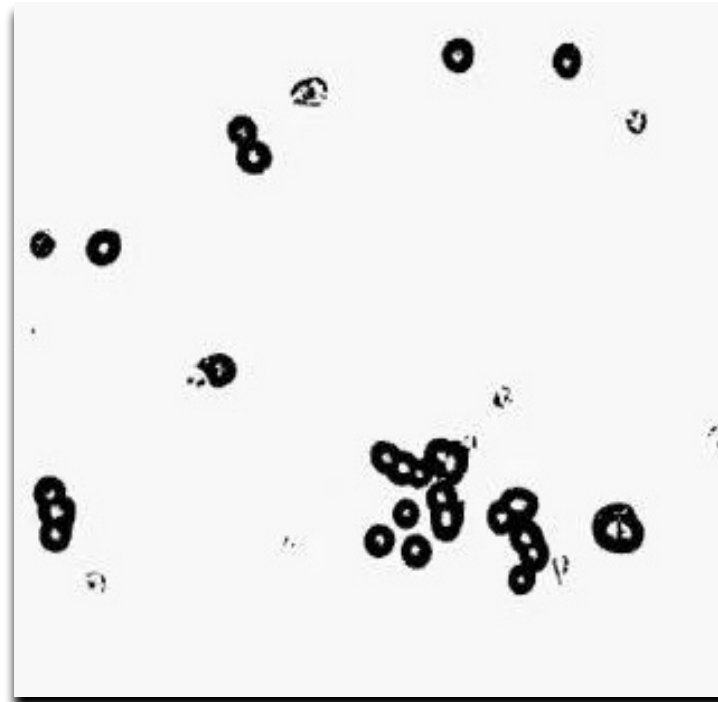
Décompte de cellules

Difficultés des données :

- Cellules voisines
- Structure complexe
- Peu de régions non-cellulaires

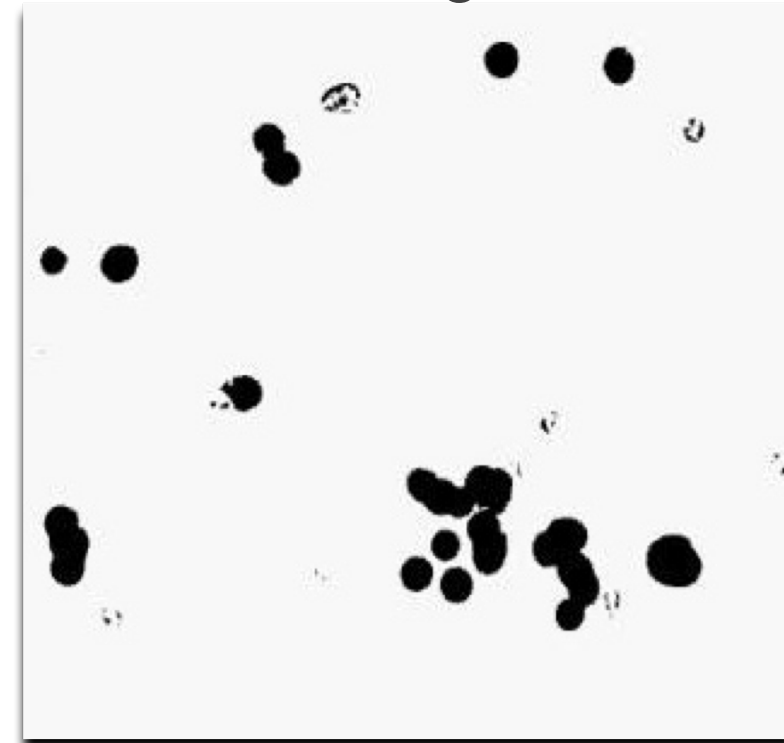
Pratique usuelle :

- Isoler et compter



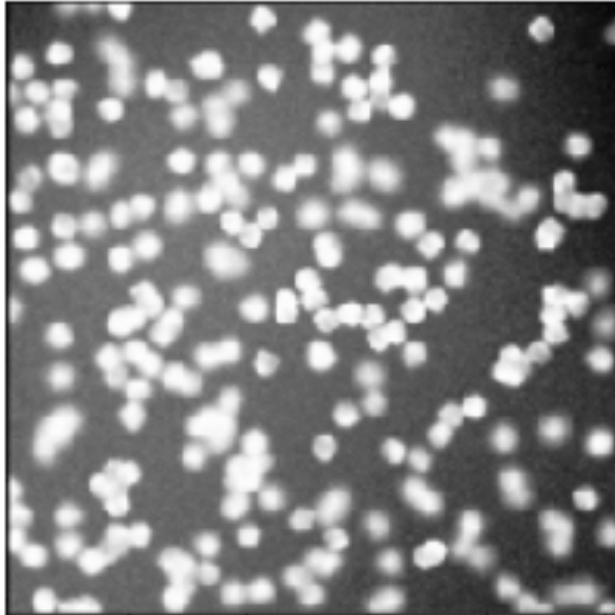
Segmentation par ligne de partage des eaux (watershed)

Segmentation binaire de l'image

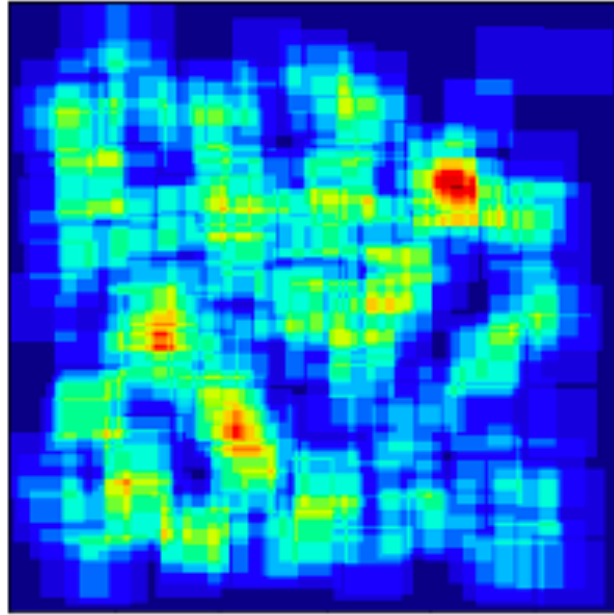


Préparation des données

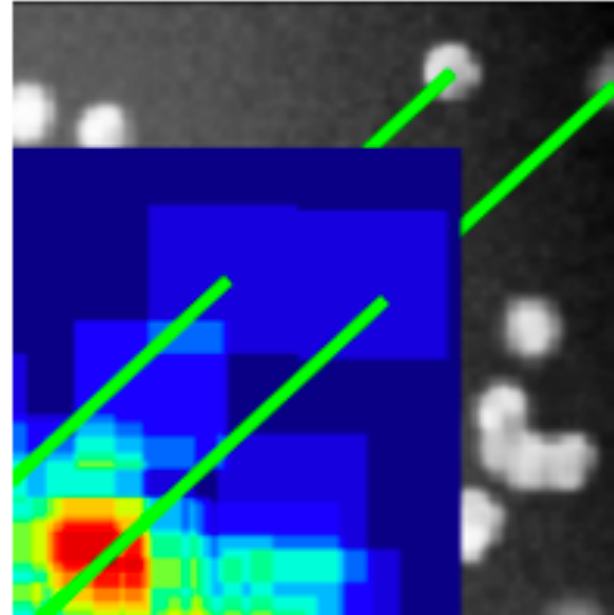
Image d'entrée



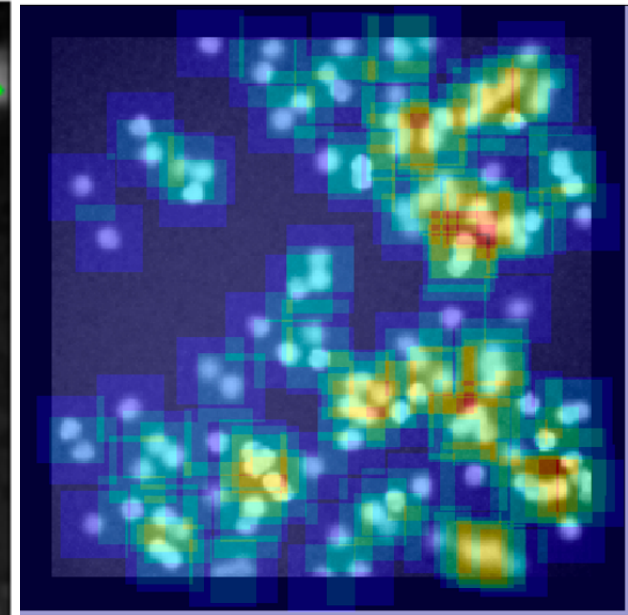
Cible



Alignement



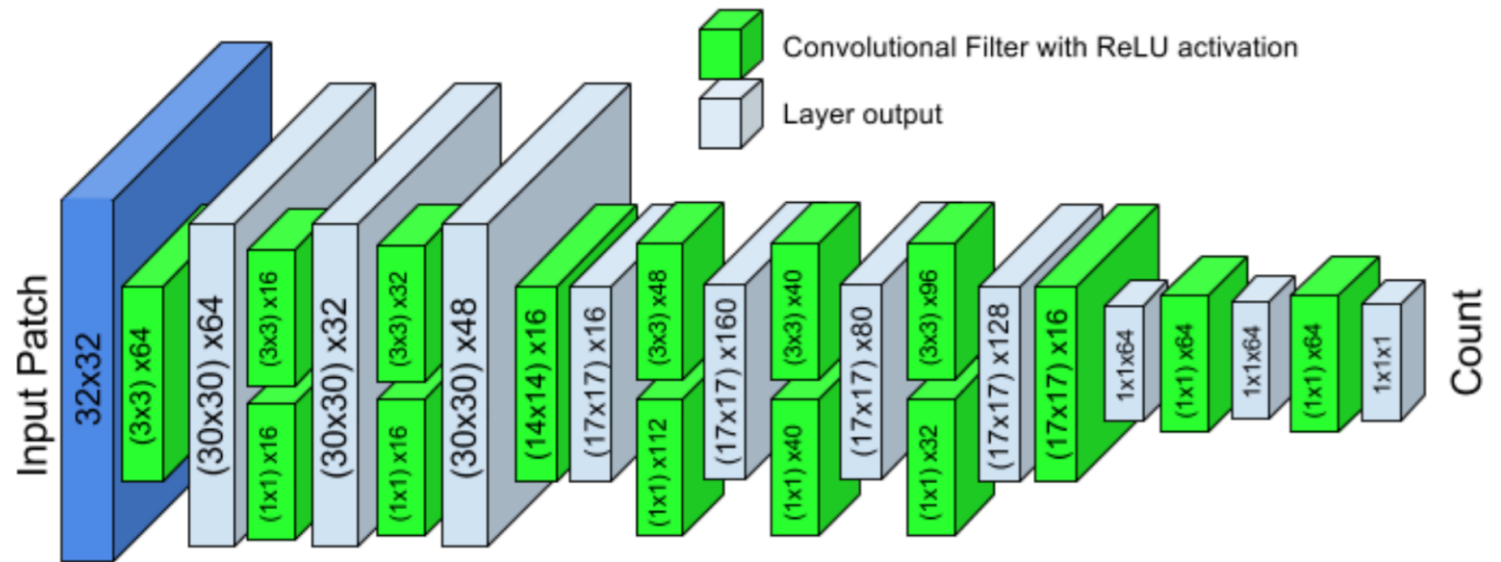
Superposition



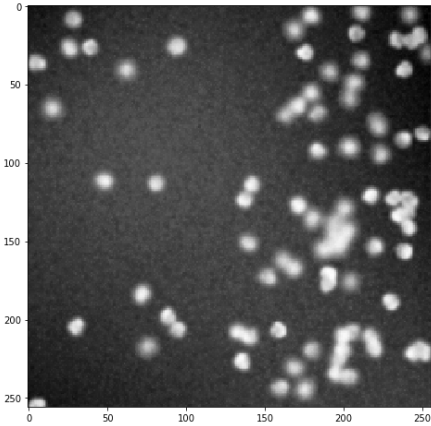
Cible : les pixels correspondent aux champs récepteurs et l'intensité aux nombres d'objets dans un champ récepteur

Architecture

- Régression sur le décompte dans un champ réceptif donné
- Moyenne sur les décomptes résultants (redondance)
- Erreur de régression L1
- Pas de downsampling (aucun pooling, strides de 1)

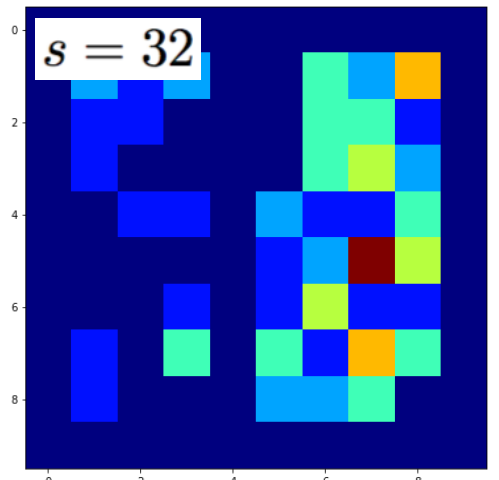
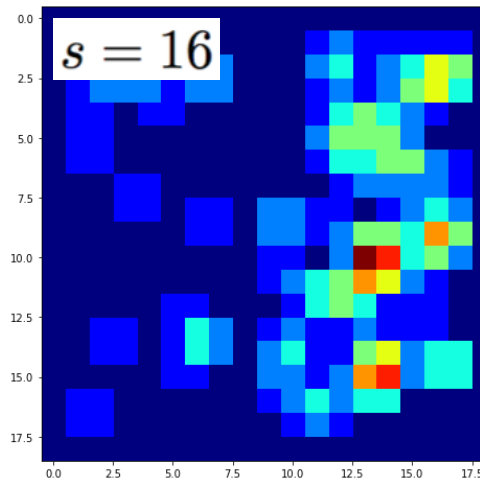
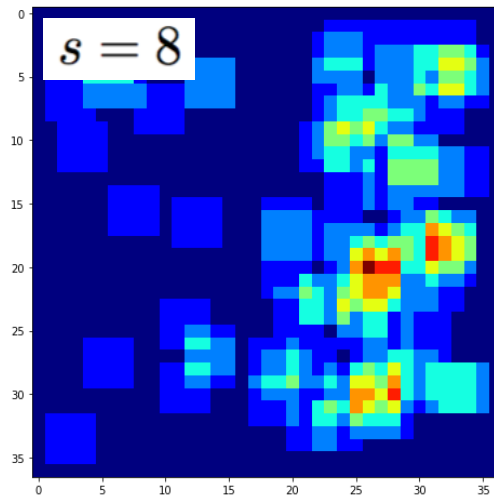
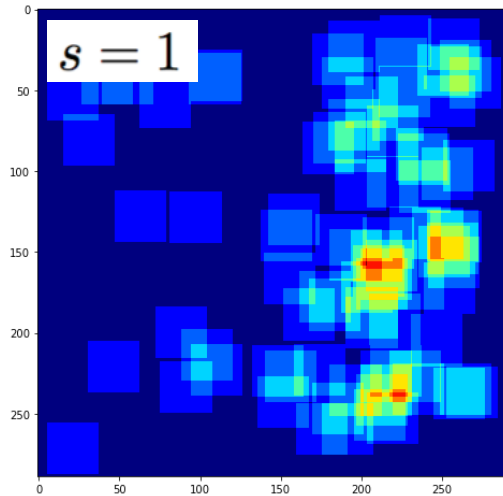


Raison pour l'absence de downsampling



Augmenter le pas diminue le nombre total de cibles de régression

Stride	$s = 1$	$s = 8$	$s = 16$	$s = 32$
MAE	2.4 ± 0.2	3.5 ± 0.1	4.0 ± 0.2	5.2 ± 0.4



Joseph Paul Cohen, Henry Z. Lo, Yoshua Bengio. Count-ception: Counting by Fully Convolutional Redundant Counting. arXiv 2017.

Données : VGG Cell Dataset from Learning To Count Objects in Images. Lempitsky, V. and Zisserman, A.

Count-ception pendant l'entraînement

<https://www.youtube.com/watch?v=ej5bj0mlQq8>

Joseph Paul Cohen, Henry Z. Lo, Yoshua Bengio. Count-ception: Counting by Fully Convolutional Redundant Counting. arXiv 2017.

Crédit vidéo : Joseph Cohen

Données : VGG Cell Dataset from Learning To Count Objects in Images. Lempitsky, V. and Zisserman, A.



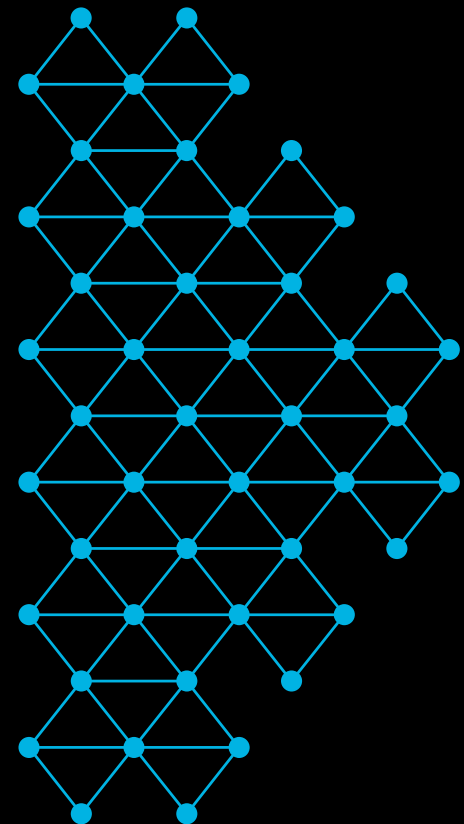
Results

N = Nombre d'exemples d'apprentissage et de validation. Toujours 100 exemples de test.

Method	$N = 8$	$N = 16$	$N = 32$	$N = 50$
Lempitsky and Zisserman (2010)	4.9 ± 0.7	3.8 ± 0.2	3.5 ± 0.2	N/A
Fiaschi et al. (2012)	3.4 ± 0.1	N/A	3.2 ± 0.1	N/A
Arteta et al. (2014)	4.5 ± 0.6	3.8 ± 0.3	3.5 ± 0.1	N/A
FCRN-A, Xie (2016)	3.9 ± 0.5	3.4 ± 0.2	2.9 ± 0.2	2.9 ± 0.2 ¹
Count-ception (Proposed)	3.9 ± 0.4	2.9 ± 0.5	2.4 ± 0.2	2.3 ± 0.2

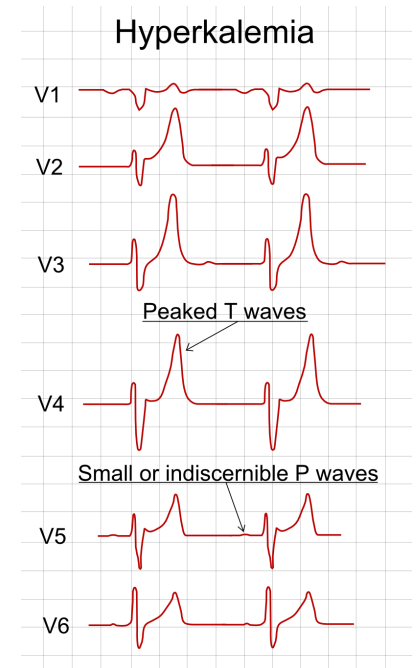
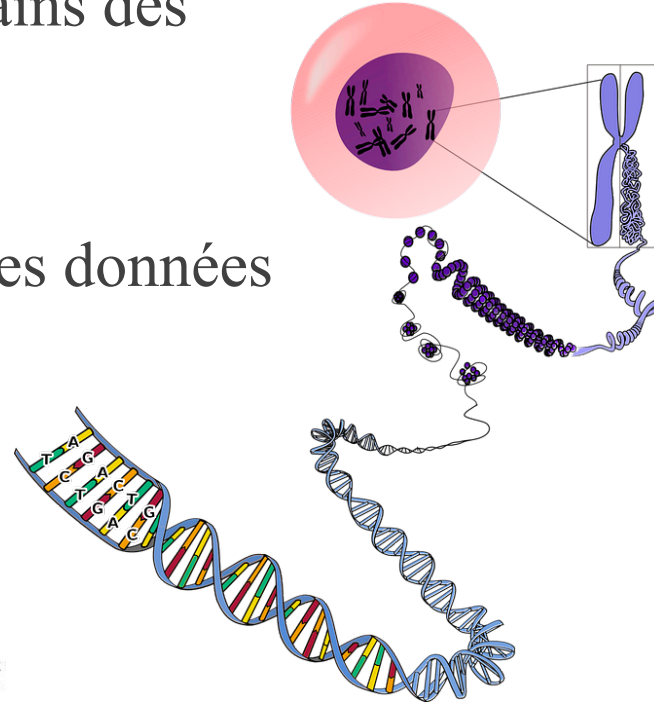
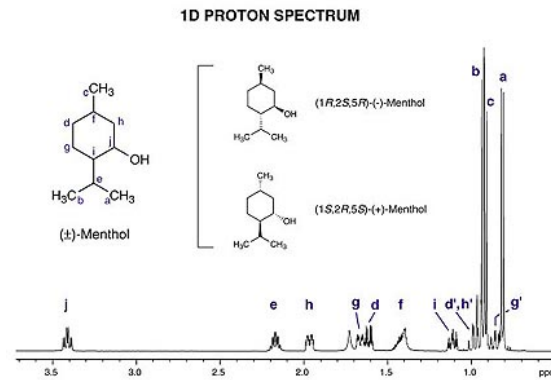
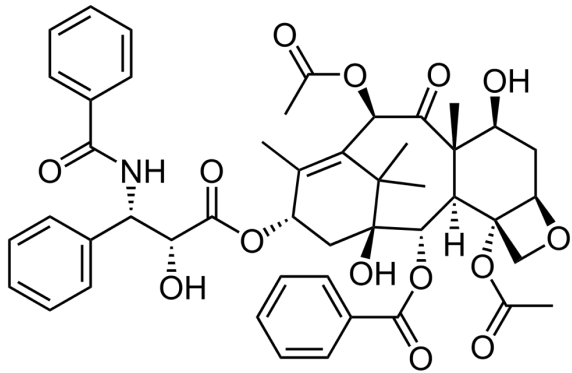
¹Reported in their work as $N = 64$.

Deep Learning et bioinformatique



Deep Learning et Bio-Informatique

- Deep Learning permet de résoudre certains des problèmes liés à la bio-informatique
- Données complexes
- Problème de la haute dimensionnalité des données



Diet Network: Thin Parameters for Fat Genomics

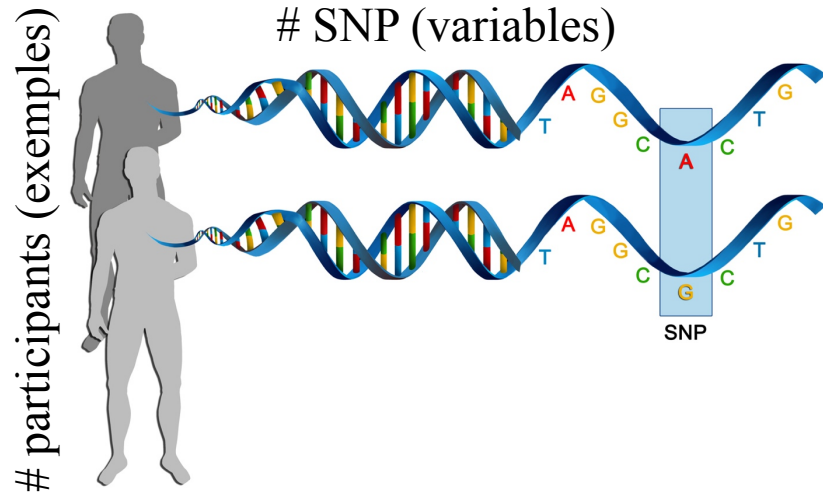
Adriana Romero, Pierre Luc Carrier, Akram Erraqabi, Tristan Sylvain, Alex Auvolat,
Etienne Dejoie, Marc-André Legault, Marie-Pierre Dubé, Julie G. Hussin, Yoshua Bengio

ICLR 2017

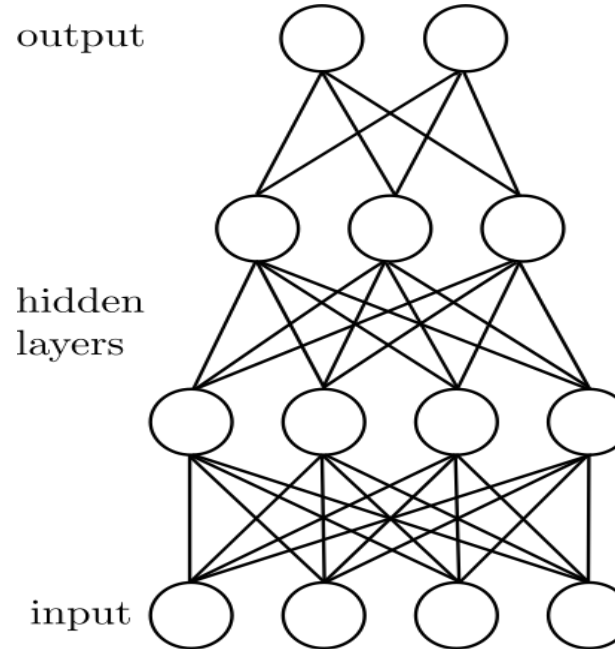
Données génétiques et difficultés

Fat data :

exemples \ll # variables (entrées)



Challenge : Perceptron multicouche



Explosion du nombre de paramètres
paramètres \gg # entrées
 \gg # exemples

Diet network : utilisation d'une nouvelle paramétrisation d'un réseau de neurones, quand # entrées \gg # exemples

Architecture

- Embedding appris de bout en bout
- Embedding des histogrammes par classe
- Perceptron multicouche (MLP)
- Reconstruction (régularisation)

Données d'entrées:
 $N \times F$, $N \ll F$

Valeur de classification
 (prédiction de l'ethnicité)

Valeur de reconstruction

Matrice de poids obtenue par emb.
 (taille = $F \times 100$)

W_d^T

paramètres libres = 30M
 (300Kx100)

paramètres libres = 50K
 (500x100)

Matrice de poids obtenue par emb.

Input = 1 sample

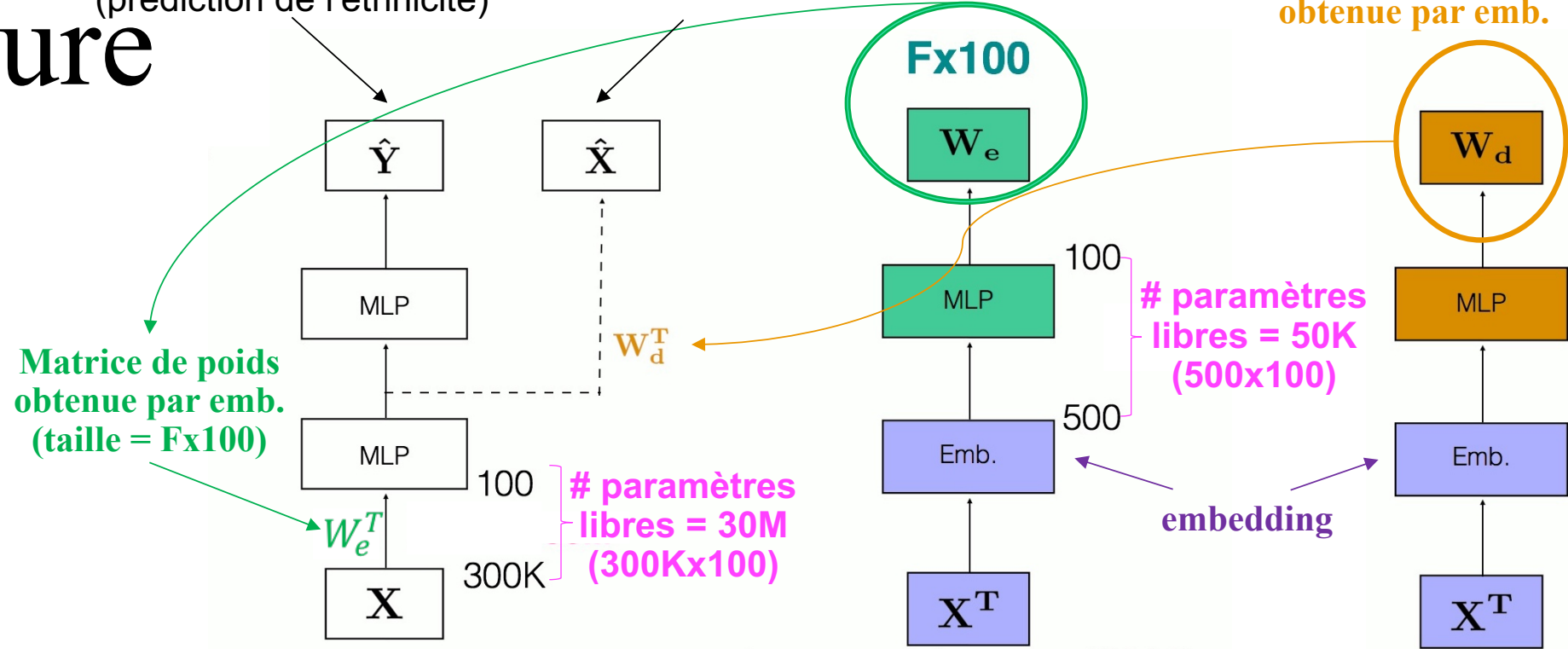
$1 \times F$

F = # de variables
 (ici 300k)

Input = 1 feature (SNP)

$1 \times N$

N = # d'exemples



Adriana Romero, Pierre Luc Carrier, Akram Erraqabi, Tristan Sylvain, Alex Auvolat, Etienne Dejoie, Marc-André Legault, Marie-Pierre Dubé, Julie G. Hussin, Yoshua Bengio. Diet Network: Thin Parameters for Fat Genomics. ICLR 2017.
 Slide adapted from Adriana Romero presentation, MILA, University of Montreal, Canada.

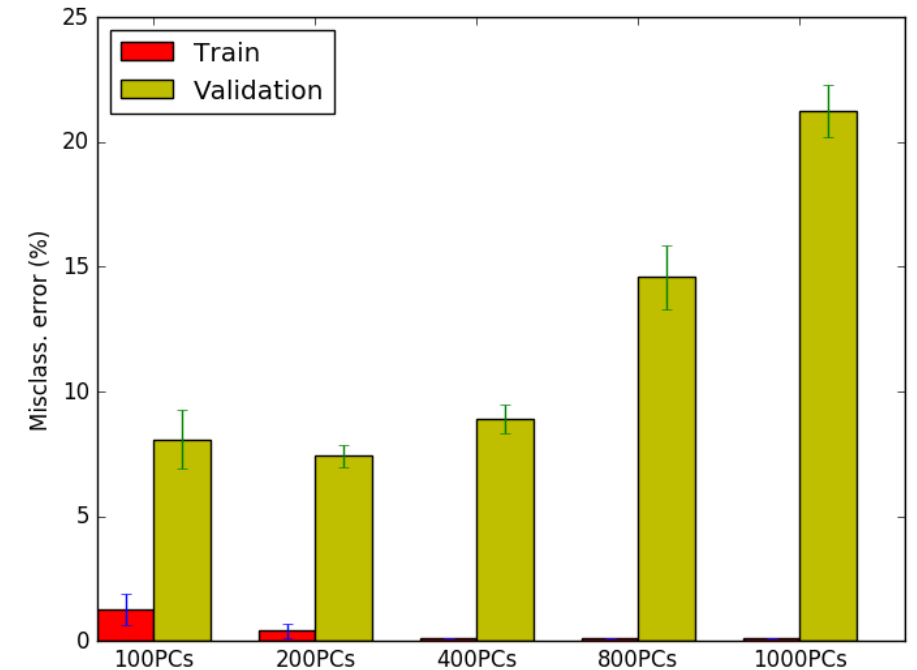
Resultats : 1000 genome project

- 3,450 individus x 315,345 SNPs, codés comme ayant 0, 1 ou 2 copies d'un allèle (n'utilise pas l'allèle de référence)
- Prédiction de l'ethnicité
- Métrique: erreur de classification, nombre de paramètres libres
- 5-fold cross-validation

Embedding	Misclassification error (%)	# free parameters
<i>Without reconstruction</i>		
Basic MLP	8.31 +- 1.83	31.5M
Diet Networks (raw end2end)	7.62 +- 02	227.3k
Diet Networks (histograms)	6.90+- 1.60	18.0k
<i>With reconstruction</i>		
Basic MLP	7.76 +- 1.38	63M
Diet Networks (raw end2end)	6.85 +- 1.72	534.8k
Diet Networks (histograms)	7.01 +- 1.20	28.1k

Résultats : 1000 genome project

Embedding	Misclassification error (%)
Diet Networks (histograms)	7.01 +- 1.20
PCA (10 PCs)	20.56 +- 3.20
PCA (50 PCs)	12.29 +- 0.89
PCA (100 PCs)	10.52 +- 0.25
PCA (200 PCs)	9.33 +- 1.24



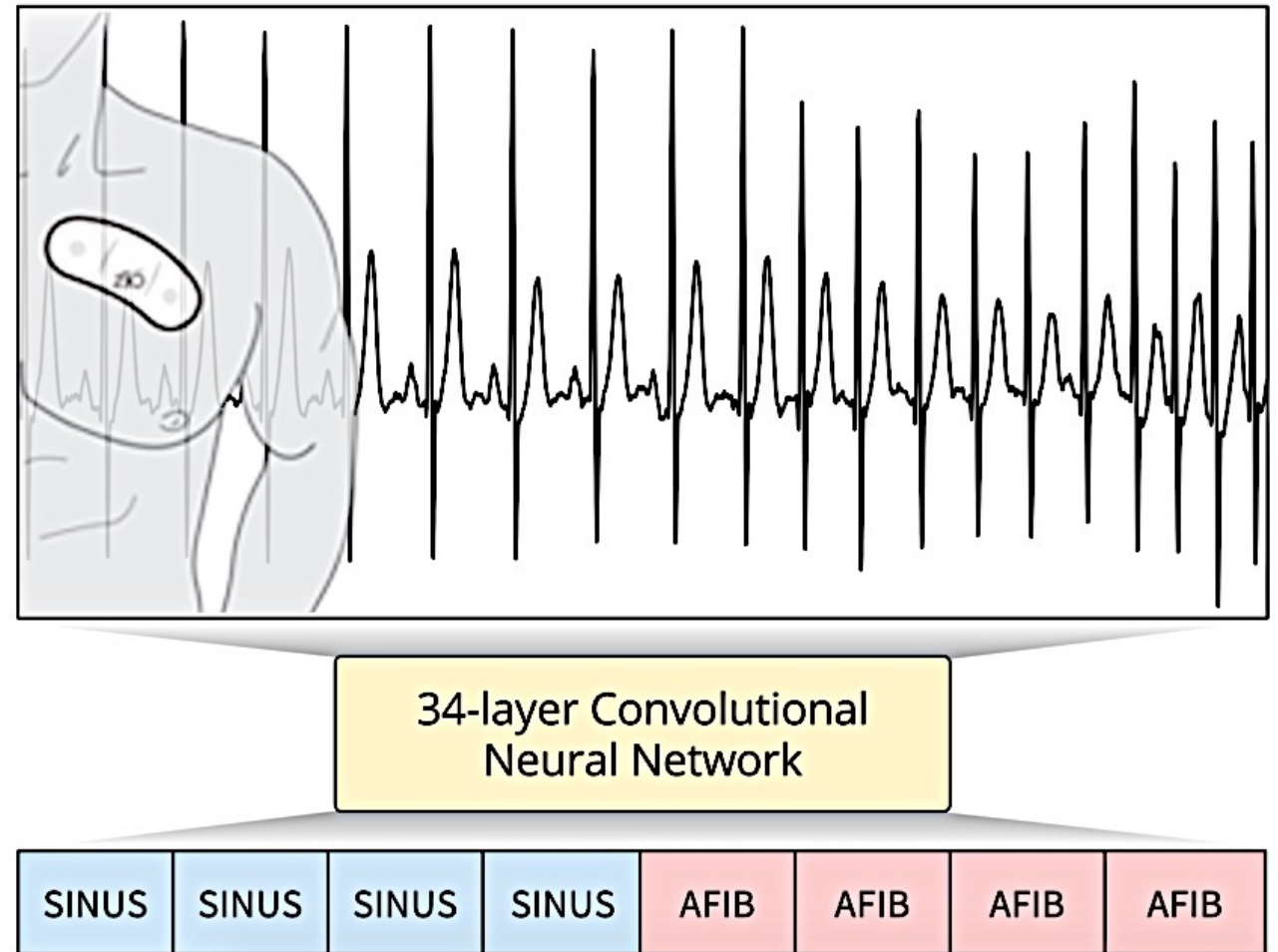
[Adriana Romero](#), [Pierre Luc Carrier](#), Akram Erraqabi, Tristan Sylvain, Alex Auvolat, Etienne Dejoie, Marc-André Legault, Marie-Pierre Dubé, Julie G. Hussin, Yoshua Bengio. Diet Network: Thin Parameters for Fat Genomics. ICLR 2017.
Slide adapted from Adriana Romero presentation, MILA, University of Montreal, Canada.

Cardiologist-Level Arrhythmia Detection with Convolutional Neural Networks

Pranav Rajpurkar, Awni Y. Hannun, Masoumeh Haghpanahi, Codie Bourn, Andrew Y. Ng

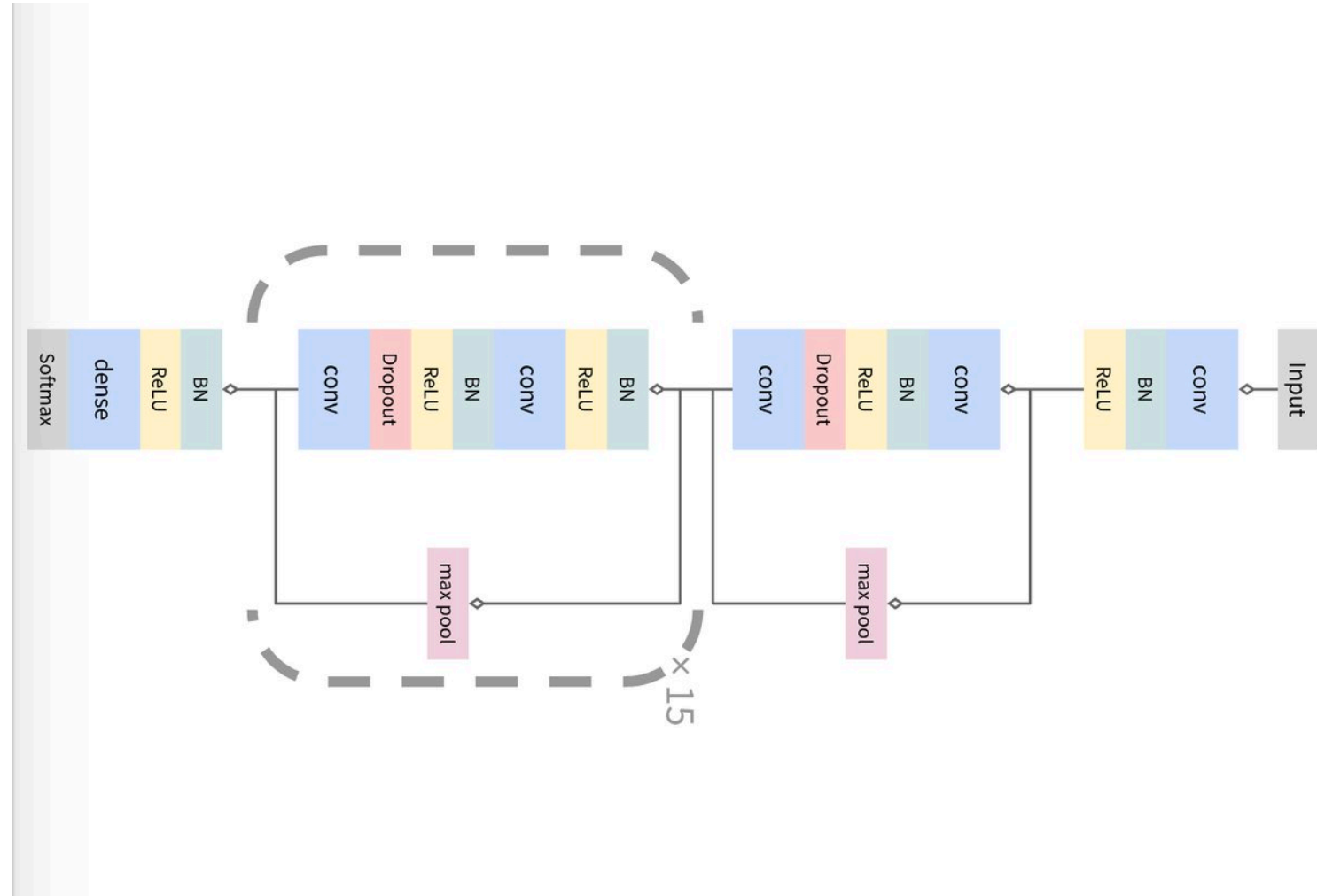
arXiv 2017

CNN pour la détection du rythme sinusal (SINUS) ou de la fibrillation artérielle (AFIB) à partir d'ECGs enregistrés par un moniteur cardiaque portable.



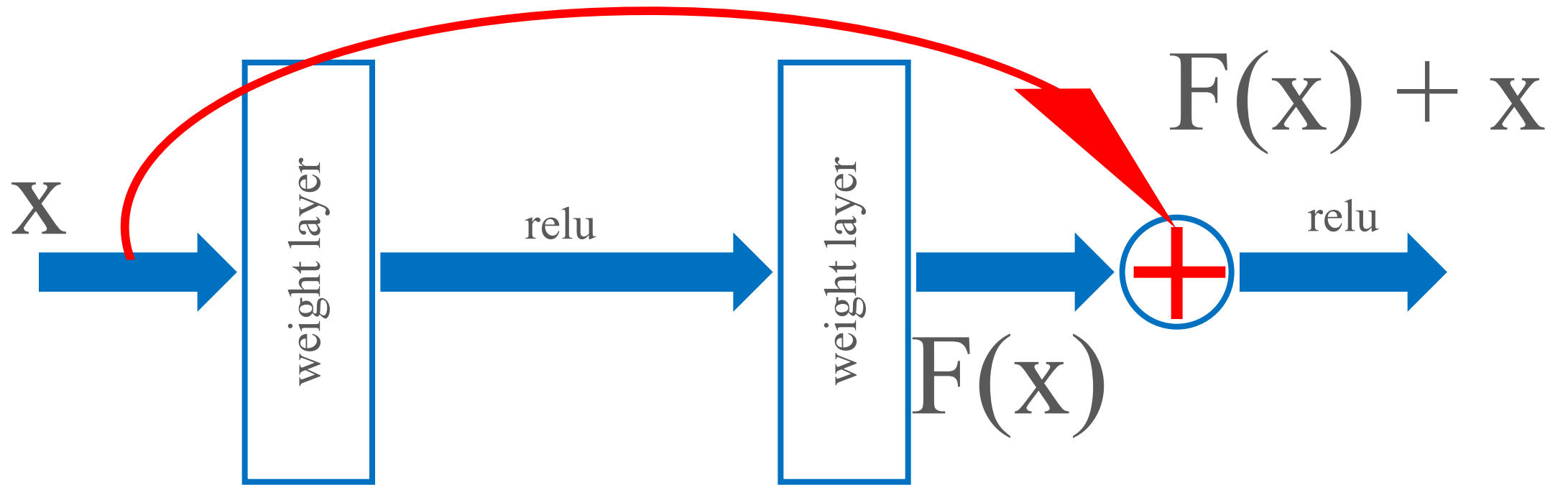
Architecture

- Réseau convolutionnel (conv) à 34 couches permettant la détection d'arythmies
- Max pooling (max pool)
- Batch normalisation (BN)
- Dropout
- Couche entièrement connectée (dense)



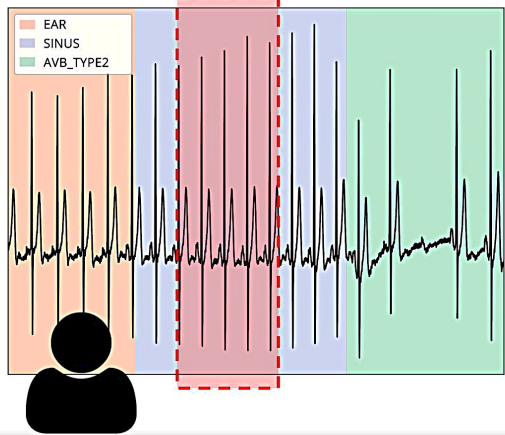
Block résiduel

identité de x

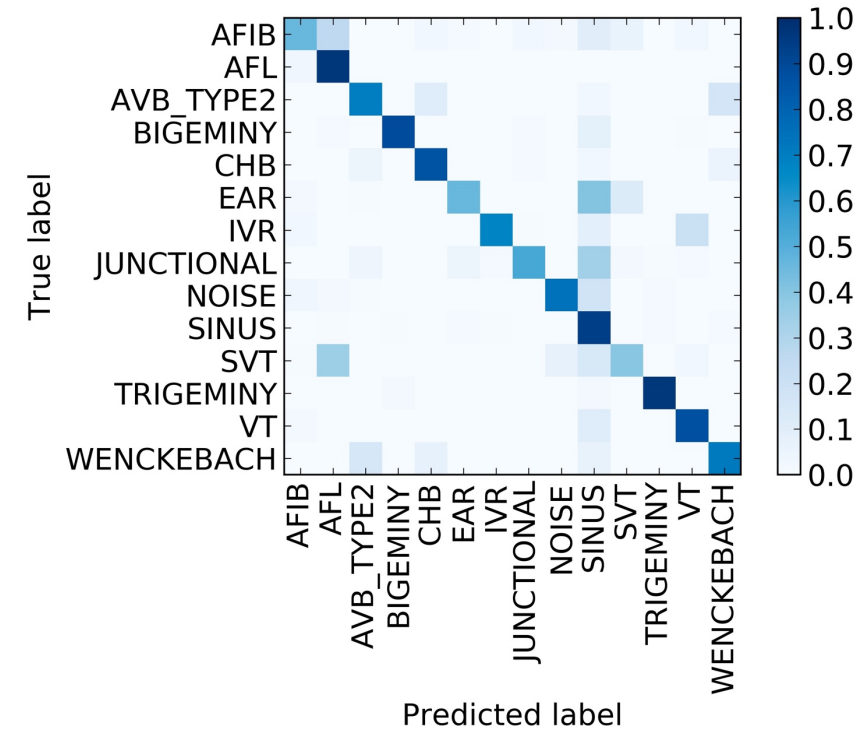
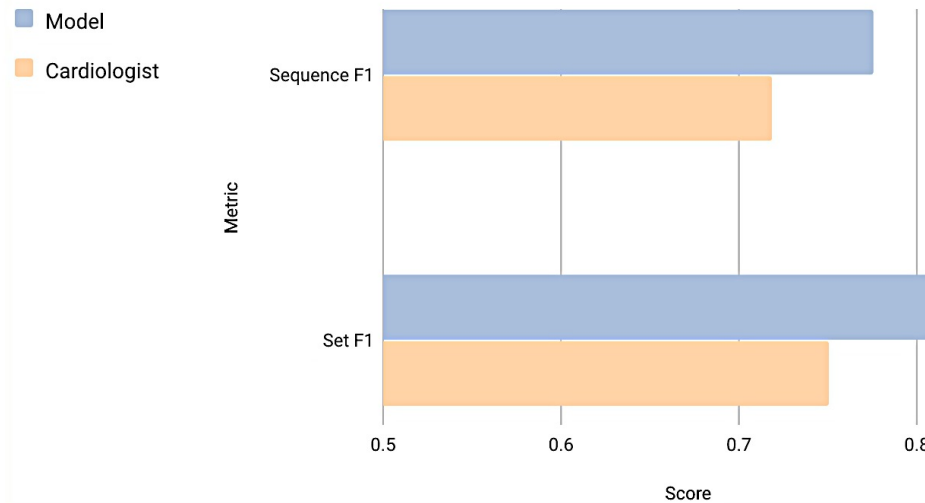


Résultats

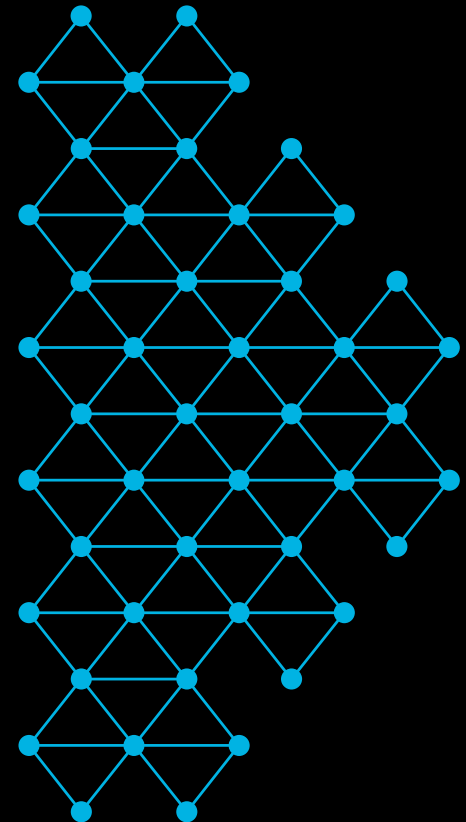
Données : 64,121 enregistrements d'ECG de 29,163 patients



Pour les deux métriques (score F1 d'ensemble et de séquence), le modèle dépasse la performance des cardiologues.



Application : de gros enjeux



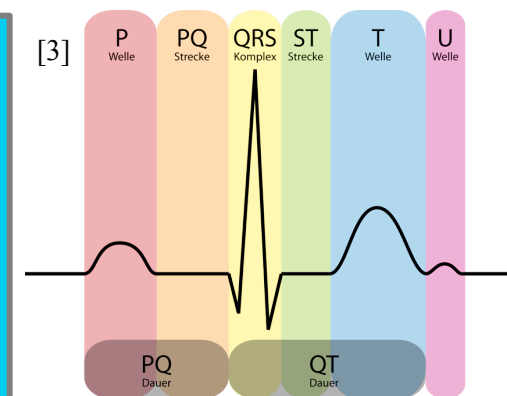
[1]



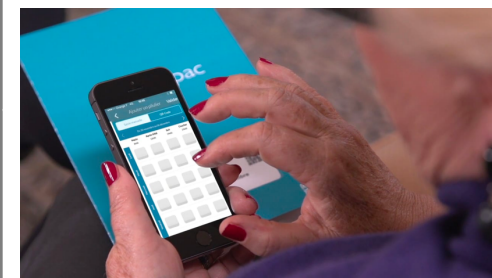
Diagnostique

Prévention

[3]



[4]



[5]



Traitement

Suivi

[2]



[1] <http://www.samsung.com/global/business/healthcare/healthcare/ultrasound/USS-RS8AF4K/WR>

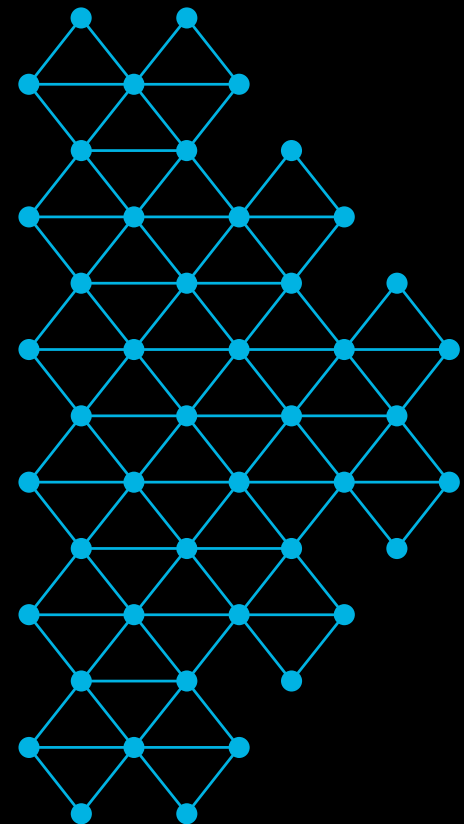
[2] <http://www.vision-systems.com/articles/2017/07/next-microsoft-hololens-device-will-feature-ai-and-deep-learning-capabilities.html>

[3] Das normale EKG und seine Anteile - Author: Hank van Helvete from German Wikipedia.

[4] <https://www.medup.fr/produits/patient-a-domicile-m-s-p-associations>

[5] Japanese Technology Robotic Mall Robot Japan

Merci de votre attention !
Des questions ?



Contact

<http://mila.umontreal.ca>

Margaux Luck • margaux.luck@gmail.com

Tristan Sylvain • tristan.sylvain@gmail.com