



**HAL**  
open science

## **Diagnostic de l'atrophie multi-systématisée par l'utilisation de réseaux de neurones convolutifs multi-modaux à 3 dimensions**

Edouard Villain, Federico Nemmi, Anne Pavy - Le Taron, Olivier Rascol, Xavier Franceries, Patrice Péran, Marie-Véronique V Le Lann

### ► To cite this version:

Edouard Villain, Federico Nemmi, Anne Pavy - Le Taron, Olivier Rascol, Xavier Franceries, et al.. Diagnostic de l'atrophie multi-systématisée par l'utilisation de réseaux de neurones convolutifs multi-modaux à 3 dimensions. Rencontres des Jeunes Chercheurs en Intelligence Artificielle (RJCIA 2019), Jul 2019, Toulouse, France. pp.69-71. <hal-02161172>

**HAL Id: hal-02161172**

**<https://hal.science/hal-02161172v1>**

Submitted on 21 Jun 2019

HAL is a multi-disciplinary open access archive for the deposit and dissemination of scientific research documents, whether they are published or not. The documents may come from teaching and research institutions in France or abroad, or from public or private research centers.

L'archive ouverte pluridisciplinaire HAL, est destinée au dépôt et à la diffusion de documents scientifiques de niveau recherche, publiés ou non, émanant des établissements d'enseignement et de recherche français ou étrangers, des laboratoires publics ou privés.



HAL Authorization

# Diagnostic de l'atrophie multi-systématisée par l'utilisation de réseaux de neurones convolutifs multi-modaux à 3 dimensions

Edouard Villain<sup>1</sup> & Federico Nemmi<sup>2</sup>, Anne Pavy-Le Taron<sup>3,4</sup>, Olivier Rascol<sup>5</sup>, Xavier Franceries<sup>6</sup>, Patrice Péran<sup>2</sup> & Marie-Véronique Le Lann<sup>1</sup>

<sup>1</sup> LAAS-CNRS, Université de Toulouse, CNRS, INSA, UPS, Toulouse, France

<sup>2</sup> ToNIC, Toulouse NeuroImaging Center, Université de Toulouse, Inserm, UPS, France

<sup>3</sup> Institut des Maladies Métaboliques et Cardiovasculaire, Inserm, UMR 1048, Toulouse, France

<sup>4</sup> Department of Neurology and Institute for Neurosciences, University Hospital of Toulouse, France

<sup>5</sup> Departments of Clinical Pharmacology and Neurosciences, Clinical Investigation Center CIC 1436, NS-Park/FCRIN network and NeuroToul COEN Center, Inserm, CHU de Toulouse, Université de Toulouse, France

<sup>6</sup> Inserm CRCT, UMR 1037, Toulouse, France

evillain@laas.fr

## Résumé

*L'atrophie multi-systématisée (AMS) est une maladie neurodégénérative. Le diagnostic et le suivi des patients atteints d'AMS est un des objectifs de la neuroimagerie moderne. L'imagerie par résonance magnétique multi-modale (IRMm) a montré des résultats prometteurs. Les dernières avancées en matière de réseaux de neurones convolutifs ont été utilisées pour créer une architecture sur la base des données IRMm capable de discriminer les patients atteints d'AMS de sujets sains. Les résultats ont montré (i) l'efficacité des réseaux de neurones pour discriminer patients AMS et sujets (ii) la possibilité d'extraire une signature spatiale.*

## Mots Clef

Atrophie multi-systématisée, Réseaux de neurones, N-échantillons validation croisée, Syndrome Parkinsonien.

## Abstract

Multiple system atrophy (MSA) is a neurodegenerative disease. The diagnosis and follow-up of patients with AMS is one of the objectives of modern neuroimaging. Multi-modal magnetic resonance imaging (mMRI) has shown promising results. The latest advances in convolutional neural networks have been used to create an architecture based on mMRI data that can discriminate between patients with MSA and healthy subjects. The results showed (i) the effectiveness of neural networks in discriminating MSA patients and subjects (ii), the ability to extract a spatial signature.

## Keywords

Multiple system atrophy, Neural network, N-fold cross validation, Parkinson's syndrome.

## 1 Introduction

L'atrophie multi-systématisée (AMS) est une maladie neurodégénérative. Le diagnostic et le suivi des patients atteints d'AMS est un des objectifs de la neuroimagerie moderne. L'imagerie par résonance magnétique multi-modale (IRMm) a montré des résultats prometteurs [1, 2].

Les récentes avancées en matière d'intelligence artificielle et plus particulièrement en réseaux de neurones (RdN) permettent de plus en plus d'applications dans le domaine médical [3]. Nous tenterons de répondre à deux questions : (i) l'approche par RdN permet-elle de discriminer patients AMS et sujets sains lorsque les données sont de l'ordre de quelques dizaines (ii) l'approche RdN nous permet-elle d'extraire une signature spatiale multiparamétrique discriminante.

### 1.1 Travaux antérieurs

*Le neurone artificiel* s'appuie sur l'analogie avec le neurone biologique. Les transmissions d'information effectuées biologiquement via les dendrites et les axones correspondent respectivement aux entrées  $[x_1, x_2, \dots, x_n]$  et à la sortie  $y$  du neurone artificiel. Le traitement de l'information effectué par le corps cellulaire est quant à lui assuré par le calcul  $\varphi\{\sum_1^n(x_i\omega_i) + b\}$  avec  $\omega_i$  les poids du neurone,  $b$  son biais et  $\varphi$  sa fonction d'activation. L'apprentissage du neurone artificiel consiste à déterminer ses poids et le biais de façon à minimiser l'erreur de prédiction.

*Le réseau de neurones* est ensuite créé en connectant la sortie d'un neurone aux entrées d'autres neurones. De nombreuses architectures de réseaux de neurones sont proposées dans la littérature et permettent de répondre à différentes tâches [4, 5].

*Le réseau de neurones convolutif* utilise les opérations de convolutions et de sous-échantillonnages afin d'apprendre des formes sur le signal d'entrée à différentes échelles. L'architecture est alors organisée en couches et se termine généralement par des couches de neurones entièrement connectées.

## 2 Jeu de données

Un jeu de données annoté et relativement équilibré de 55 patients (29 AMS contre 26 sujets sains) a été utilisé dans cette étude et correspond à un sous ensemble des données analysées dans [1, 2]. Pour chacun des patients, trois modalités pertinentes pour le diagnostic des troubles liés au cerveau ont été utilisées :

- le volume de matière grise (GM) qui rend compte du volume où l'activité électrique intracérébrale a lieu et qui a tendance à se réduire dans certaines pathologies cérébrales neurodégénératives.
  - la diffusivité moyenne (MD) qui permet d'imager le mouvement Brownien des particules d'Hydrogènes. Les patients atteints de syndrome Parkinsonien présentent des agrégats ferreux qui vont modifier ce mouvement Brownien.
  - l'amplitude de fluctuation des basses fréquences (ALFF) qui mesure l'activité cérébrale au repos par l'IRM fonctionnelle en imageant l'oxygénation des globules rouges.
- Chaque modalité est un volume isotrope 3 dimensions de 60x72x60 voxels, dont chaque voxel est de résolution physique 3x3x3mm<sup>3</sup>.

### 3 Méthodologie

Nous avons développé une architecture générique de réseau de neurones convolutif multi-modale 3D schématisée en Fig. 1, de façon à pouvoir analyser les résultats obtenus pour chaque combinaison des modalités dont nous disposons. Le cœur de l'architecture s'appuie sur l'enchaînement de deux couches de convolutions suivies d'une couche de regroupement [6].

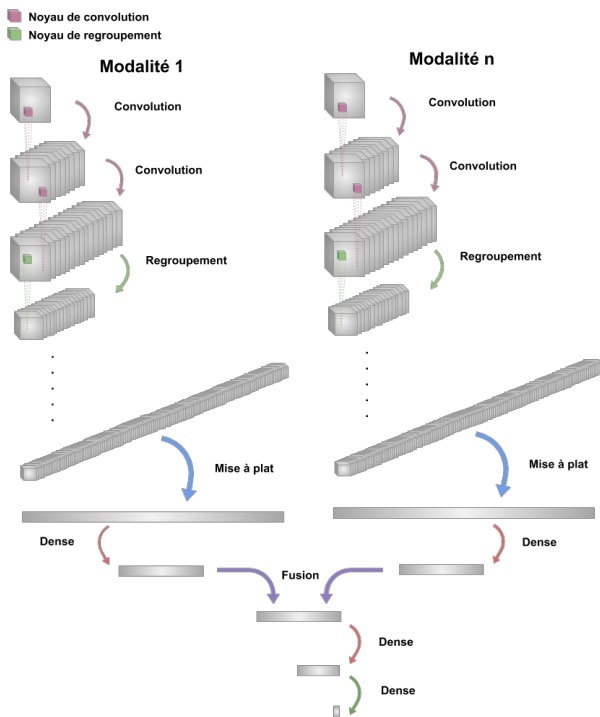


Figure 1 : Architecture du réseau de neurones convolutif 3D multi modale

Une validation croisée à 10 plis, répétée 10 fois, a été calculée pour chacun de nos modèles, ce qui permet d'analyser leur robustesse vis à vis des itérations tout en utilisant un jeu de données de taille restreinte [7].

Une exploration des activations des modèles est ensuite opérée dans le but de détecter les zones anatomiques pertinentes pour le modèle dans sa décision.

### 4 Résultats et Discussion

L'analyse des probabilités des prédictions moyennes des modèles nous indique que la modalité ALFF a une probabilité moyenne des prédictions inférieure à 0,9, tandis que la modalité MD semble plus pertinente avec 0,975 en moyenne. Tous les modèles utilisant cette modalité MD ont une probabilité moyenne des vrais positifs et vrais négatifs supérieure à 0,97 comme le montre la Fig. 2, avec :

- les vrais positifs (VP) définis comme les patients AMS ayant obtenu un test positif,
- les vrais négatifs (VN) définis comme les sujets sains ayant obtenu un test négatif,
- les faux positifs (FP) définis comme les sujets sains ayant obtenu un test positif,
- les faux négatifs (FN) définis comme les patients MSA ayant obtenu un test négatif.

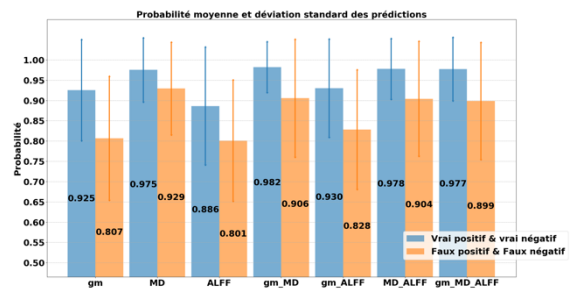


Figure 2 : Probabilité et déviation standard des vrais positifs et négatifs (bleu) ainsi que des faux positifs et négatifs (orange) par modèle

La sensibilité représente la probabilité que le test soit positif si le patient est atteint de l'AMS, mesurée chez les patient AMS seulement et se calcule via l'équation (1).

$$\text{sensibilité} = \frac{VP}{VP + FN} \quad (1)$$

La spécificité quant à elle représente la probabilité que le test soit négatif si le sujet est sain, mesurée chez les sujets sains seulement et se calcule via l'équation (2).

$$\text{spécificité} = \frac{VN}{VN + FP} \quad (2)$$

L'exactitude est alors la probabilité qu'un test soit correct, i.e. test positif pour un patient AMS et test négatif pour un sujet sain, mesurée sur l'ensemble de la population et se calcule via l'équation (3).

$$\text{exactitude} = \frac{VP + VN}{VP + VN + FP + FN} \quad (3)$$

Le tableau 2 détaille les résultats obtenus pour les modèles MD et la combinaison GM\_MD\_ALFF. Le modèle utilisant la modalité MD seule fournit un meilleur score d'exactitude, une meilleure stabilité vis-à-vis des itérations et ce dans un temps dix fois plus court. Le modèle utilisant la combinaison des trois modalités obtient quant à lui un score de spécificité similaire, mais avec un score de sensibilité plus faible.

	MD	GM_MD_ALFF
Exactitude	86.2 ± 1.6 %	82.5 ± 2.7 %
Sensibilité	85.2 ± 1.7 %	79.3 ± 4.0 %
Spécificité	87.3 ± 4.8 %	86.2 ± 1.9 %
Durée d'apprentissage	2 minutes	25 minutes

Tableau 2 : Résultats obtenus pour le modèle utilisant la modalité MD et le modèle multi-modal (trois modalités)

Ensuite l'analyse des localisations spatiales des activations qu'utilise le modèle MD a été réalisée dans le but de repérer les zones anatomiques pertinentes pour le diagnostic de l'AMS. Pour cela, les données d'entrées de patients sont utilisées dans un réseau de neurones déjà entraîné, puis la totalité des résultats intermédiaires obtenus sur les couches de convolutions pour chacun des filtres, ainsi que sur les couches de normalisation est sauvegardée. L'une des problématiques est la quantité de données récupérées à analyser. C'est pourquoi, nous nous sommes orientés vers les activations maximales et la Fig. 3 nous présente celles obtenues pour la modalité MD.

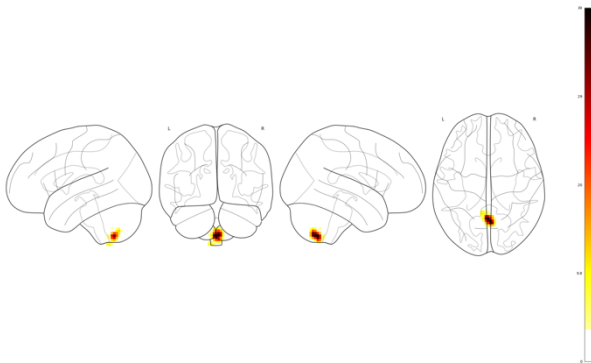


Figure 3 : Activations maximales de la diffusivité moyenne

## 5 Conclusion

Nous avons développé une architecture de réseau de neurones convolutif 3D multi-modal permettant de discriminer patients AMS et sujets sains avec des scores d'exactitude de l'ordre de 85 %.

L'étude des activations des modèles permet de repérer les zones pertinentes dans leurs décisions et, elles sont en adéquation avec les résultats obtenus précédemment [1, 2] : la diffusivité moyenne est la modalité la plus pertinente pour le diagnostic de l'AMS et plus précisément dans le cervelet et le putamen.

## Bibliographie

- [1] P. Péran *et al.*, MRI supervised and unsupervised classification of Parkinson's disease and multiple system atrophy: MRI Classification in Parkinsonian Syndromes, *Movement Disorders*, 2018.
- [2] F. Nemmi *et al.*, A totally data-driven whole-brain multimodal pipeline for the discrimination of Parkinson's disease, multiple system atrophy and healthy control, *NeuroImage*, 2019.
- [3] L. Zou *et al.*, 3D CNN Based Automatic Diagnosis of Attention Deficit Hyperactivity Disorder Using Functional and Structural MRI, *IEEE Access*, 2017.

- [4] M. R. Mohammadi *et al.*, A brief review over neural network modeling techniques, *IEEE International Conference on Power, Control, Signals and Instrumentation Engineering (ICPSI)*, 2017.
- [5] W. Liu *et al.*, A survey of deep neural network architecture and their applications, *Neurocomputing*, 2017.
- [6] K. Simonyan & A. Zisserman *et al.*, Very Deep Convolutional Networks for Large-Scale Image Recognition, *CoRR*, 2014.
- [7] J. Rodríguez *et al.*, Sensitivity Analysis of k-Fold Cross Validation in Prediction Error Estimation, *Pattern Analysis and Machine Intelligence, IEEE Transactions*, 2010.