



HAL
open science

Mise en application d'algorithmes open-source de Deep-Learning pour l'analyse d'images 3D d'ovaires de Médaka

Manon Lesage, Jérôme Bugeon, Manon Thomas, Thierry Pécot, Violette Thermes

► To cite this version:

Manon Lesage, Jérôme Bugeon, Manon Thomas, Thierry Pécot, Violette Thermes. Mise en application d'algorithmes open-source de Deep-Learning pour l'analyse d'images 3D d'ovaires de Médaka. 11. Journées Scientifiques et Techniques du Réseau des Microscopistes INRAE, Nov 2022, Rennes, France. hal-04046034

HAL Id: hal-04046034

<https://hal.inrae.fr/hal-04046034v1>

Submitted on 25 Mar 2023

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.



Distributed under a Creative Commons Attribution - NonCommercial - NoDerivatives 4.0 International License

Mise en application d'algorithmes *open-source* de *Deep-Learning* pour l'analyse d'images 3D d'ovaires de Médaka

LESAGE, Manon ^{a*}, BUGEON, Jérôme^a, THOMAS, Manon^a, PECOT Thierry^b, THERMES Violette^a

^a INRAE, Fish Physiology and Genomics Institute, 16 Allée Henri Fabre, Rennes 35000, France.

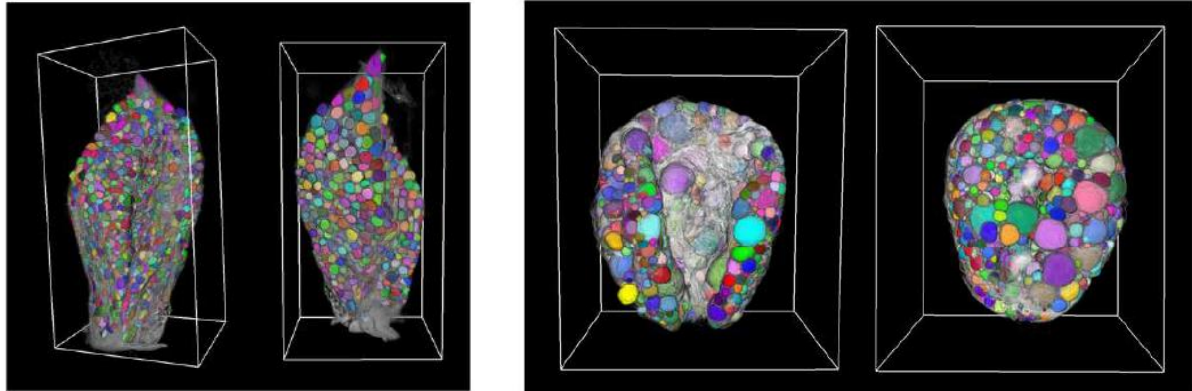
^b BIOSIT, UAR 3480 US 018, Université de Rennes 1, 2 rue Professeur Leon Bernard, Rennes 35042, France
*manon.lesage@inrae.fr

En biologie de la reproduction, l'étude des mécanismes de l'ovogenèse repose en partie sur la compréhension de la dynamique de croissance des follicules (e.g ovocytes entourés de cellules somatiques de soutien) dans un contexte ovarien sain ou pathologique. L'avancée des méthodes de transparence et d'imagerie 3D permet aujourd'hui la production de nouvelles données quantitatives, spatiales et structurelles à l'échelle de l'ovaire entier et ouvre la voie à une meilleure compréhension du développement ovarien, notamment chez le poisson¹. De plus, l'analyse computationnelle de telles images a connu d'importants progrès depuis le développement d'algorithmes de *deep-learning* (DL) spécifiquement adaptés à divers types cellulaires ou modalités d'acquisition. Leur application reste toutefois limitée en raison d'un manque de généralisation de ces algorithmes ou de la quantité de données nécessaire à l'entraînement d'algorithmes spécialisés. Cette limitation est d'autant plus prononcée dans le cas de larges tissus en 3D qui peuvent (1) présenter une grande variabilité d'intensité des signaux fluorescents, réduisant l'efficacité des algorithmes disponibles ou (2) nécessiter un temps d'annotation considérable pour la préparation du jeu de données à entraîner.

Pour analyser le contenu folliculaire des ovaires de médaka à partir d'images d'ovaires entiers et s'affranchir de ces limitations, nous avons développé une stratégie permettant d'utiliser des outils de DL disponibles en *open-source* adaptés au débruitage d'images (Noise2Void²) et à la segmentation de cellules (Cellpose³). Ces outils ont été intégrés à des pipelines d'analyse comprenant trois étapes principales : le pré-traitement, la segmentation et le post-traitement des images. Une étape de filtration et de combinaison des follicules segmentés a notamment permis l'utilisation de l'algorithme généraliste Cellpose sur des ovaires adultes présentant des variations extrêmes de tailles de follicules (de 20 à plus de 1000 μm de diamètre), constituant normalement une limitation majeure de ce modèle.

Notre stratégie fournit ainsi des solutions abordables et efficaces pour extraire des informations quantitatives exhaustives à partir d'images d'ovaires entiers, à des stades variés du cycle de vie et présentant des modalités de fluorescence différentes⁴. L'application de cette méthodologie permet dorénavant l'analyse précise de la dynamique de croissance folliculaire et constitue une ressource adaptable à l'étude de modifications du contenu ovarien dans d'autres contextes génétiques ou en toxicologie.

Figure : Segmentation 3D d'ovaires entiers de médaka au stade larvaire et adulte



Références :

¹ M Lesage, M Thomas, J Bugeon, A Branthonne, S Gay, E Cardona, M Haghebaert, F Mahé, J Bobe, V Thermes. (2020). *Biology of Reproduction*, <https://doi.org/10.1093/biolre/ioaa142>

² Krull, A., Buchholz, T.-O., and Jug, F. (2019). *Conference on Computer Vision and Pattern Recognition (CVPR)* (Long Beach, CA), 2129–2137.

³ Stringer, C., Wang, T., Michaelos, M. *et al.* Cellpose. (2021). *Nat Methods*, <https://doi.org/10.1038/s41592-020-01018-x>

⁴ M Lesage, J Bugeon, M Thomas, T Pécot, V Thermes. (2022), bioRxiv 2022.08.03.502611; doi: <https://doi.org/10.1101/2022.08.03.502611>

Biographie (Arial 11, environ 150 mots), accompagnée de préférence de votre photo.



Manon LESAGE, Doctorante dans l'équipe Sexe Ovogenèse et Comportements (SOCS) au Laboratoire de Physiologie et Génomique des Poissons (LPGP) sous la Direction de Violette THERMES. Mes travaux de thèse se concentrent sur l'étude de la dynamique de l'ovogenèse et sa régulation par le micro-ARN-202 sur le modèle médaka.