

Apprentissage profond et acquisition de représentations latentes de séquences peptidiques

Rémy Sun

Remy.Sun@ens-rennes.fr

Département informatique, ENS Rennes, Campus de Ker lann, Bruz, France

sous la direction de François Coste

francois.coste@inria.fr

Dyliss project, INRIA, Campus de Beaulieu, Rennes, France

19 août 2016

Résumé

Les grands succès des techniques d'apprentissage profond rendent intéressante l'étude de leur applicabilité à l'étude de séquences peptidiques où les applications existantes sont surtout locales. Nous présentons une étude des représentations latentes de séquences peptidiques acquises par des techniques d'apprentissage profond pour pré-entraîner fragment par fragment un classificateur agissant sur une tâche globale.

Mots-clés. Apprentissage profond ; Protéines ; Représentation latente ; Séquence

Table des matières

1	Apprentissage profond ?	1
1.1	Entraînement non supervisé	2
1.2	Réseaux convolutifs	3
1.3	Réseaux récurrents	4
1.4	Domaine d'étude : Protéines	5
1.5	Initialisation et optimisation des réseaux d'apprentissage profond	6
2	Etude réalisée	7
2.1	Matériel	7
2.2	Représentation des chaînes peptidiques	7
2.3	Choix des types d'architectures d'apprentissage profond	8
2.4	Etude préliminaire sur séquences artificielles	9
2.4.1	Auto-encodeurs	9
2.4.2	Classificateurs	9
2.5	Étude de la corrélation de paramètres	10
3	Expériences et évaluation	10
3.1	Auto-encodeurs	10
3.1.1	Modèles entraînés	10
3.1.2	Pertinence de la reconstitution	11
3.1.3	Corrélations	11
3.2	Classificateur	13
3.2.1	Modèle entraîné	13
3.2.2	Améliorations de performances par pré-entraînement	13
3.3	Contributions principales	13
A	Détails sur les architectures utilisées	18
B	Résultats annexes	18

Introduction

Les séquences peptidiques d'un grand nombre de protéines sont connues, le séquençage pouvant être effectué simplement. Néanmoins, l'étude de caractéristiques plus fines demande la mise en oeuvre de moyens plus conséquents. Il est donc important de mettre en oeuvre des techniques d'inférence automatique pour ces caractéristiques qui ont une influence sur la fonction de la protéine à partir de la séquence peptidique connue.

Les techniques dites d'apprentissage profond ont permis de grand progrès dans de nombreux domaines qui vont de la reconnaissance d'image à l'étude de langages naturels ([3], [20], [23]). Néanmoins, les protéines demeurent un domaine relativement inexploré par l'apprentissage profond à l'exception de quelques travaux ([21]) qui se concentrent essentiellement sur des études locales de séquences peptidiques pour prédire des caractéristiques locales. Comment appliquer les techniques d'apprentissage profond à des tâches d'échelle plus élevée sur des séquences peptidiques ?

Les applications existantes d'apprentissage profond, en langages naturels par exemple, donnent des manières d'exploiter des suites d'éléments. Nous nous sommes donc intéressés dans ce stage à l'application de telles techniques aux familles de protéines. Les séquences peptidiques ne se résument pas à un simple enchaînement d'acides aminés, mais à une forme d'information extrêmement expressive puisque chaque acide aminé possède des propriétés physico-chimiques propres. Afin de pouvoir effectuer une étude globale sur la classification de telles familles, notre intérêt s'est surtout porté sur l'acquisition de représentations de protéines, et la façon dont ces représentations exploitent ces caractéristiques physico-chimiques.

Dans un premier temps, nous expliquerons notre domaine d'étude - à savoir, l'apprentissage profond et les séquences peptidiques - principal (voir section 1), avant d'explicitier les choix que nous avons fait pour traiter localement puis globalement les protéines (voir section 2). Enfin, nous exposerons nos résultats et les conclusions préliminaires que nous pouvons en tirer (voir section 3).

1 Apprentissage profond ?

Une technique d'apprentissage machine Comme toutes les techniques d'apprentissage machine, l'apprentissage profond vise à entraîner un système pour qu'il résolve des situations sans que tous les paramètres nécessaires à la résolution du problème n'aient été calculés par l'implémentateur. L'objectif est d'entraîner un algorithme à paramètres variables (une « boîte noire ») à prendre une décision correcte concernant une tâche donnée. L'apprentissage se fait en optimisant les paramètres variables pour améliorer les décisions prises.

Neurone ? Le terme de neurone (ou unité cachée) désigne une unité de calcul (**Figure 1**). Cette unité prend une entrée, c'est à dire un vecteur A dont la taille est celle de l'entrée et lui applique une transformation linéaire $WA + b$, où W et b sont des paramètres du neurone. Après cette transformation linéaire, on applique généralement une fonction dite « d'activation » non-linéaire f dont nous discuterons plus en détail plus tard. Ainsi la transformation effectuée sur l'entrée A retourne la sortie $f(WA + b)$

L'entraînement du neurone se fait par rétro-propagation à partir de la sortie finale du réseau de neurones : une évaluation de la qualité de la décision finale par rapport à la décision attendue est effectuée, et il s'agit alors de minimiser la distance entre les deux. Pour ce faire, on peut par exemple procéder par descente de gradient. En effet, pour chaque paramètre, on

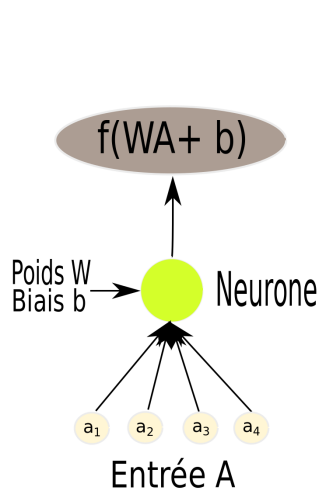


FIGURE 1 – Exemple de neurone formel

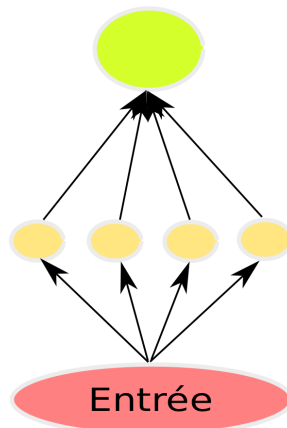


FIGURE 2 – Réseau de neurones complètement relié non profond

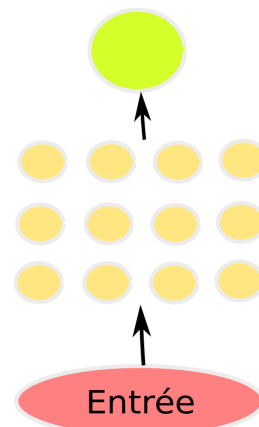


FIGURE 3 – Réseau de neurones profond

calcule la dérivée partielle du score obtenu et on ajuste en conséquence les paramètres du réseau jusqu'à obtenir un résultat satisfaisant (typiquement un minimum local ou point de selle donnant des résultats acceptables).

Pourquoi profond ? Ce qui différencie l'apprentissage profond de ces techniques d'apprentissage dites « creuses » (**figure 2**) est d'utiliser plusieurs couches cachées (**Figure 3**) (d'où la notion de profondeur). Cela augmente remarquablement l'abstraction du problème et permet de mieux traiter les problèmes dits compositionnels, c'est-à-dire qui peuvent se décomposer en plusieurs composantes. Il est facile en première approximation de comprendre pourquoi cette façon de procéder est intéressante : nous comprenons des choses simples avant de comprendre les choses plus complexes à partir de ce qui a déjà été appris.

Néanmoins, cela a longtemps posé des problèmes d'évanouissement ou d'explosion du gradient sur les réseaux profonds : la dérivée partielle sur les paramètres des couches les plus basses est calculée multiplicativement à partir de celle sur des paramètres des couches supérieures (puisque dépendante de celle de la couche supérieure, elle-même dépendante d'une autre...), et il est donc difficile d'ajuster ces couches bas-niveau, ce qui limite l'intérêt même de l'apprentissage profond.

1.1 Entraînement non supervisé

Quel objectif poursuivre ? Une grande problématique de l'apprentissage profond est le besoin d'accéder à de grandes bases de données labellisées pour pouvoir entraîner les réseaux. Si cette difficulté n'est plus d'actualité dans nombreux domaines, elle est indissociable de notre étude des protéines. En effet, le nombre de protéines appartenant à une famille, une superfamille ou une catégorie est limité. De fait, il n'est pas réaliste d'espérer avoir assez de données pour exploiter les techniques d'apprentissage purement supervisées. Comment faire pour demander à une machine de s'entraîner par elle-même sans qu'on lui dise quelle conclusion tirer à partir de son résultat ? Une façon de faire consiste à lui demander de retrouver son entrée. Ainsi, on « encode » l'information dans un premier temps, puis on la « décode » : c'est l'auto-

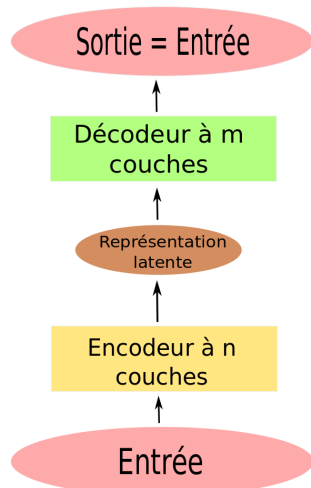


FIGURE 4 – Auto-encodeur classique

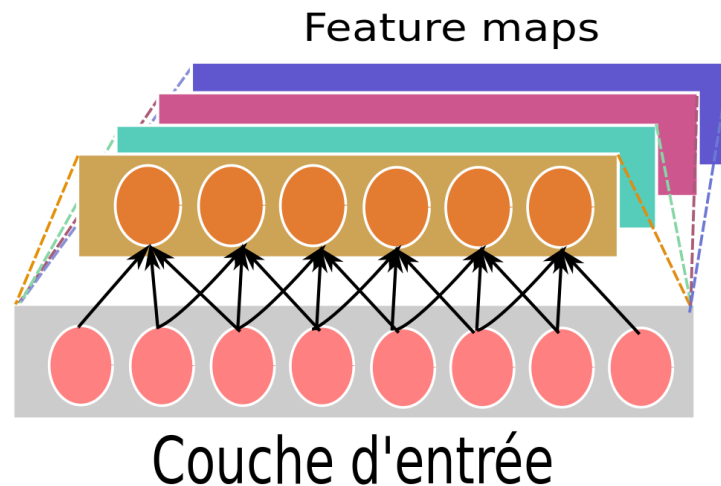


FIGURE 5 – Exemple de couche convolutive avec des fenêtres de taille 1×3

encodeur.

Donc on entraîne un réseau complexe à... retrouver l'identité ? Ce n'est pas tant le but qui est intéressant ici, mais la façon de l'atteindre, c'est-à-dire, la **représentation latente** acquise par l'encodeur. Évidemment, il y a un réel risque que cette manière de l'atteindre ne soit pas particulièrement intéressante non plus (on encode l'identité, puis on décode l'identité). Pour éviter cela on dispose de plusieurs moyens :

- Forcer l'encodeur à encoder l'entrée en une représentation latente de dimension inférieure ([11]). Ainsi, on s'assure de ne pas pouvoir juste propager l'identité. Mieux encore, la représentation intermédiaire, "condensée" peut permettre de découvrir des "points robustes" de ce qu'on est en train d'apprendre.
- Corrompre l'information donnée en entrée (comme proposé par [24]) pour forcer l'encodeur à "deviner" ce qu'il manque, ce qui permettrait par exemple de mettre en lumière des corrélations non évidentes à l'oeil nu.
- Poser des contraintes sur la représentation latente acquise, typiquement en forçant des objectifs de régularisation sur les paramètres.

1.2 Réseaux convolutifs

Il y a une marque caractéristique (feature) des images d'un certain type Cela est un élément utile à la reconnaissance d'images, mais il semble difficile pour un réseau neuronal profond d'acquérir cette représentation par lui-même. Ce qu'on peut faire par contre, est « scanner » sur une « fenêtre », par exemple des carrés 3×3 de l'image en question à l'aide d'un filtre permettant de décider si la marque apparaît dans le carré examiné. En pratique, c'est créer une couche cachée dont chaque neurone applique une même fonction de transformation sur les 9 neurones d'un carré 3×3 . Il s'agit donc de faire une convolution sur l'image d'une fonction de transformation ! Cette méthode reste applicable sur un chaîne de caractère de longueur n , puisqu'il s'agit d'une image de taille $1 \times n$ en cherchant sur des fenêtres de taille 1×3 par exemple.

Nous venons de décrire une couche générant une image réduite dont chaque neurone/-pixel donne la valeur de l'application d'une fonction à un carré 3×3 . Nous appellerons une telle représentation *feature map* (littéralement, carte de caractéristiques) : elle donne la représentation d'une « feature » sur l'image. En un sens il s'agit là d'une convolution puisqu'on prend une fonction (l'image tridimensionnelle) et une autre « pseudo-fonction » (le filtre de la caractéristique étudiée, à la différence près que ce filtre est constant sur l'espace étudié) et on effectue la convolution de ces deux fonctions vectorielles.

Pourquoi s'arrêter à une feature map ? Typiquement on crée plusieurs *feature maps* en parallèle (**Figure 5**) dans un réseau convolutif (ou convolutionnel). Rappelons déjà que nous n'avons pas beaucoup de contrôle sur la caractéristique que le réseau va retrouver puisqu'il va apprendre la caractéristique qui donne le meilleur résultat par lui-même. Multiplier les *feature maps* permet de distinguer plus de points caractéristiques qui seront ensuite traités par une couche supérieure.

Si on veut rajouter une couche convolutionnelle au dessus, elle opérera non seulement une opération sur un carré de chaque *feature map*, mais elle effectuera une opération sur les résultats de cette opération sur chaque *feature map* et les couches convolutives constituent le coeur de certains réseaux de reconnaissance d'image ([16]).

1.3 Réseaux récurrents

Toutes les architectures proposées jusqu'à maintenant traitent l'entrée comme une « image » : il n'y a pas de notion d'ordre entre les différents éléments de l'entrée. Une telle représentation est peu satisfaisante si on veut traiter des suites d'entrées comme une phrase.

Il faut une architecture capable de tenir compte des entrées déjà lues On appelle réseau récurrent une unité particulière qui prend en entrée une suite d'éléments, et à chaque étape de calcul renvoie une sortie et un état caché qu'il se renvoie dans une boucle de rétroaction. Ainsi, le traitement de l'élément suivant de l'entrée dépend de celui de l'élément courant.

Si on « déplie » l'exécution du problème, on réalise que la séquence passe en fait par un nombre de couches cachées égal au nombre d'éléments dans la suite! (**Figure 6**) Ainsi, nous avons établi un réseau qui est capable de traiter un élément d'une suite en se rappelant en quelque sorte de ce qui s'est passé avant. La seule question qui reste à traiter est le fonctionnement exact de la couche cachée.

Il est possible de faire fonctionner cette unité cachée comme un neurone classique avec une sortie et entrée supplémentaire représentant l'état caché, mais cela pose des problèmes d'évanouissement du gradient lors de la rétro-propagation. Une unité cachée qui résout ce problème et est largement utilisée dans la littérature est l'unité LSTM (ou ses dérivatifs) introduite dans [13] (**Figure 7**).

Long Short-Term Memory (LSTM) L'idée est qu'on a un état de cellule, un état caché et une entrée. A chaque passage dans la couche, on calcule quel degré d'information il faut retenir de l'état de la cellule en fonction de l'état caché et de l'entrée (porte d'oubli). Ensuite on calcule s'il faut ajouter de l'information à l'état de la cellule (porte de mise à jour). Enfin, on fait le calcul de la sortie et de l'état caché à partir des trois données précédentes.

Un auto-encodeur récurrent ? Les réseaux récurrents ont entre autres choses été grandement utilisés dans l'étude de langages naturels. Une architecture d'encodeur-décodeur profonde que

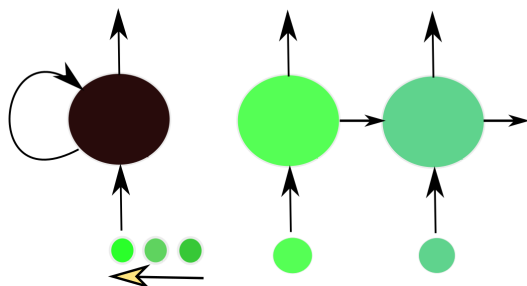


FIGURE 6 – Réseau récurrent à gauche, forme dépliée temporellement à droite

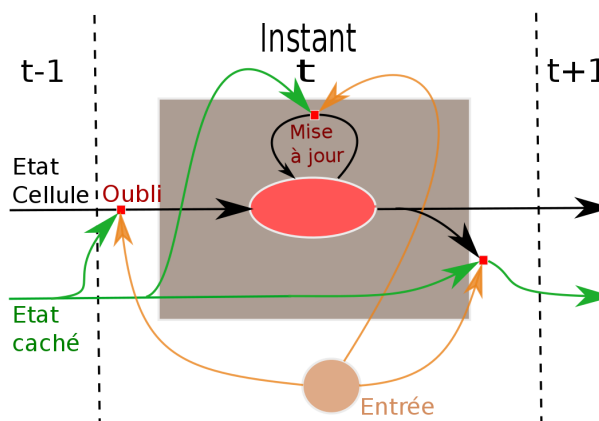


FIGURE 7 – Exemple d'unité LSTM

nous avons particulièrement étudié (et qui fournit de bons résultats pour la détection de structures comme la copie dans une chaîne) est celle proposée dans [3]. L'idée est d'utiliser un premier auto-encodeur pour servir d'encodeur : on ne récupère que sa sortie sur le dernier terme de la suite d'entrée. Cette sortie est de dimension finie et nous servira de résumé (qui compresse éventuellement l'information). Il suffit ensuite de passer ce résumé dans un autre réseau récurrent en récupérant cette fois chaque sortie. Dans l'article original, la sortie du décodeur au temps t lui est aussi donné en entrée au temps $t + 1$, mais ce n'est pas le cas dans notre étude.

1.4 Domaine d'étude : Protéines

Notre étude s'est portée sur la façon d'appliquer les diverses techniques précédemment mentionnées pour traiter le cas des protéines.

A l'instar d'une phrase qui est chaîne de mots, une protéine est une chaîne d'acides aminés de longueur variable. Un acide aminé est une molécule chimique, et de tels acides aminés interviennent typiquement dans les séquences peptidiques. Ces acides ont chacun leur propriétés physico-chimiques particulières comme leur hydropathie, leur charge électrique ou leur solubilité.

Structure primaire La séquence peptidique d'une protéine constitue ce qu'on appelle sa structure primaire, mais une protéine ne peut pas se résumer à sa séquence peptidique. C'est cette structure primaire que nous utiliserons en entrée de nos réseaux profonds.

Structure secondaire D'un point de vue local, les acides s'arrangent en des structures locales de faibles dimensions telles que des hélices- α (constituées de 3, 4 ou 5 tours d'hélices), de brins- β ou d'autres structures tels que des retournements. On parle alors de structure secondaire de la protéine. La grande majorité des travaux existants sur l'application de techniques d'apprentissage profond aux séquences peptidiques traitent de la prédiction de structures secondaires ([21]) ou d'autres caractéristiques locales ([18]).

Structure tertiaire La façon dont l'ensemble de ces acides et structures locales s'organisent dans l'espace constitue la structure tertiaire de la protéine. On peut décomposer la classe structurale (répertoriée par [7] par exemple) de la protéine à partir de la structure secondaire :

$all - \alpha$, $all - \beta$, α / β , $\alpha + \beta$, *peptide*, ... Il n'existe à notre connaissance que peu de travaux tentant d'appliquer les techniques d'apprentissage profond à la prédiction de classes structurales ([14]) en effectuant un simple pré-entraînement par empilement d'auto-encodeurs.

Domaines Nous n'avons cependant pas étudié les séquences peptidiques entières des protéines. Une façon de voir les choses est de dire que les protéines sont des assemblages de chaînes, généralement assez longues, d'acides aminés. En faisant des études d'alignement sur les séquences peptidiques, il est possible de remarquer que des même chaînes longues apparaissent dans différentes protéines. On parle alors de domaine pour désigner cette chaîne. La grande majorité de notre travail s'attache à étudier ces domaines, bien qu'il ait fallu trouver des moyens de contourner les problèmes posés par la longueur malgré tout importante de tels domaines.

1.5 Initialisation et optimisation des réseaux d'apprentissage profond

Entraînement non-supervisé ? Il a été montré dans de nombreux travaux qu'il est possible d'entraîner des auto-encodeurs les uns à la suite des autres et d'aboutir à des situations permettant d'éviter de trop mauvais minima locaux. C'est d'ailleurs ce qui a motivé le second souffle de l'apprentissage profond vers la fin des années 2000

Néanmoins, des travaux plus récents ont montré qu'il suffit d'utiliser des initialisations aléatoires bien choisies pour largement passer outre les problèmes de minima locaux quand l'ensemble d'apprentissage est de taille élevée. Cependant, nous avons aussi dû travailler avec des jeux de données de taille faible, ce qui a nécessité le passage par de l'apprentissage non-supervisé pour les tâches de classification où peu d'exemples labélisés existent.

Rétropropagation Nous disposons d'une évaluation (fonction) de la qualité de la décision prise en fin de réseau. Notre but est de minimiser cette fonction en modifiant les paramètres internes du réseau (qui déterminent les transformations effectuées sur l'entrée.). Pour ce faire, on utilise typiquement le gradient de la fonction de coût. Cela peut se faire au travers de quelque chose d'aussi simple que la descente de gradient stochastique, mais cette dernière a de nombreux défauts. Dans cette article nous utiliserons les optimisations dites *adagrad* ([6]) (très efficace dans les réseaux convolutifs) et *RMSProp* ([12]) (très efficace dans les réseaux récurrents).

De la non linéarité En un sens, les réseaux neuronaux cherchent à observer les données « sous un certain angle » qui permet de trouver des corrélations : cela permet de faire de la classification, de la reconstruction, voire de la prédiction. Néanmoins si on se borne à effectuer des opérations linéaires (sommations pondérées d'entrées, transformations affines) il est tout à fait possible de passer à côté d'un regroupement intéressant des points (les fonction linéaire préservent notamment l'alignement ce qui peut se révéler être un grand problème). De fait, il y a toujours « à la fin » d'une couche une fonction dite « d'activation » qui opère une transformation non-linéaire sur la sortie. Traditionnellement, on applique une sigmoïde ou une tangente hyperbolique, mais Hinton a montré qu'il est plus judicieux pour des raisons d'écrasement ou explosion de gradient d'utiliser une fonction de seuillage *ReLU* (Rectified Linear Unit, [9]).

Éviter le sur-apprentissage On peut aléatoirement désactiver certains neurones, ce qui force le système à éviter de spécialiser le réseau sur l'ensemble d'entraînement et non sur le domaine où on veut l'appliquer ([22]). Il est raisonnable qu'un réseau entraîné sur des familles

de protéines gère mal les chaînes purement aléatoires, mais il serait problématique qu'il n'arrive pas à traiter des protéines proches des exemples d'entraînement mais n'en faisant pas partie. En effet, si on veut catégoriser les pompiers, et que par hasard tous ceux de l'exemple d'entraînement sont bruns, il y a un risque d'associer pompier et brun.

L'idée est la suivante : s'il est autorisé de copier sur ses camarades à un examen, et qu'il est connu qu'un élève aura 20 à l'épreuve, un comportement possible est de ne rien faire et simplement compter sur l'élève qui travaille. Cela est problématique car on dépend alors uniquement du résultat de cet élève/neurone, et la perception des choses qu'on a est fortement biaisée par ce que ce neurone sait. La solution adoptée revient à annoncer qu'un certain pourcentage de la classe sera malade le jour de l'examen, ce qui force tout le monde à apprendre. Un telle approche est appelée **dropout**, et la proportion de neurones neutralisés pendant l'entraînement est un paramètre fixé par l'expérimentateur.

Il a néanmoins été montré dans [8] qu'une telle architecture est complètement inutile dans le cas des réseaux récurrents. Néanmoins, il y est proposé d'effectuer un oubli dans la dépendance temporelle du réseau (c'est à dire au niveau de l'état caché) ce qui permet d'obtenir des résultats similaires à la technique précédente pour des réseaux classiques.

2 Etude réalisée

2.1 Matériel

Nous avons effectué l'ensemble de nos travaux à l'aide librairies du langage de programmation Python (<http://www.python.org>).

Pour ce qui est de l'aspect apprentissage profond, nous avons principalement utilisé keras ([4]) qui est une librairie haut niveau permettant de manipuler facilement des couches d'apprentissage. Ce choix vient d'une part de la nature des problèmes étudiés qui nous mènent à tenter l'utilisation de plusieurs architectures (ce qui invalide des librairies plus spécialisées) et de l'autre de la grande souplesse offerte par Keras. En effet, keras peut utiliser deux librairies bas niveau python (il est possible de choisir entre les deux) : la librairie académique Theano ([19]) et le plus récent Tensor Flow ([17]) de Google.

Pour ce qui est de la manipulation de séquences peptidiques à proprement parlé, nous avons utilisé des données de la base de donnée SCOPe (version 2.6, séquences à 40% d'identité ou moins, [7]) et la librairie python Biopython ([5], [10]). L'outil DSSP ([15]) a aussi été utilisé pour établir la structure secondaire des protéines étudiées.

2.2 Représentation des chaînes peptidiques

La tâche globale que nous nous sommes fixés dans une première approche est la prédiction de classe structurale. Ce qui a été fait à de maintes reprises par le passé est la représentation des protéines non pas comme chaînes d'acides, mais comme un vecteur dépendant de différents paramètres. Ces paramètres vont de notions simplistes comme le nombre d'occurrences de chaque acide aminé dans la chaîne à des considérations beaucoup plus complexes comme l'étude des fonctions de la protéine. L'état de l'art donne une précision de l'ordre de 98%, mais exploite la connaissance d'un grand nombre de caractéristiques fonctionnelles des protéines concernées, ce qui limite l'intérêt de l'approche. [14] utilise une représentation n'exploitant pas ces caractéristiques, mais renonce tout de même à travailler sur la séquence peptidique en invoquant un problème de généralisation.

Notre travail s'est principalement basé sur l'étude de protéines en tant que chaîne d'acides

aminés représentés par des lettres. En quelque sorte, nous traitons donc des suites de « mots ». De fait, il est nécessaire de déterminer une façon de représenter ces différents mots. Il est facile de voir pourquoi la première idée de simplement indexer les acides par des entiers est problématique : pourquoi la lettre « A » serait elle plus proche du « B » que du « Z » ? Pour résoudre ce problème, nous nous sommes intéressés à ce qui a été fait en traitement de langages naturels.

Représentation one-hot Une représentation répandue, bien qu'assez simpliste consiste à créer un espace contenant autant de dimensions qu'il y a d'acides aminés et représenter chaque acide aminé par un vecteur d'une base orthogonale de cet espace. Plus simplement, cela veut dire qu'on représente chaque acide par un vecteur ne contenant que des 0 et un 1. Cette représentation one-hot permet d'avoir des résultats, mais elle présente en langage naturel l'inconvénient d'engendrer une représentation dans l'espace très lacunaire, ce qui crée des espaces inutilement grands. Ce problème est secondaire dans notre cas puisqu'il n'y a qu'une vingtaine d'acides à considérer.

Représentation distribuée et représentation experte Néanmoins, il est intéressant de remarquer que des outils ont été inventés en langages naturels pour passer outre ce problème. L'idée est d'apprendre une représentation distribuée de dimension inférieure prenant en compte les mots apparaissant généralement avec celui considéré. Cela se fait avec des techniques d'apprentissage qui cherchent à maximiser le score de phrases valides et minimiser celui de phrases non valides. Ces techniques ne sont pas applicables à notre problème à cause de la façon dont les séquences peptidiques fonctionnent, mais nous avons voulu retenir l'idée qu'on peut placer les acides dans un espace de dimension faible en tenant compte de leur spécificités. En regardant 4 propriétés physico-chimiques, nous avons donc créé une telle représentation. L'aspect important d'une telle représentation est qu'elle permet de justifier du fait que deux acides sont proches du point de vue de leur représentation, ou du fait que trois acides sont équidistants. En effet, la représentation précédente posait le problème inverse de l'indexage : pourquoi tous les acides seraient-ils équidistants ?

2.3 Choix des types d'architectures d'apprentissage profond

Nous avons précédemment inventorié différentes architectures d'apprentissage profond, et nous allons maintenant expliquer pourquoi celles que nous avons choisies d'utiliser semblent adaptées au problème étudié.

Dans le cadre du traitement de séquences peptidiques, il semble tout indiqué d'utiliser des réseaux récurrents puisqu'une structure temporelle semble apparaître dans l'enchaînement des acides aminés. Néanmoins, le grand défaut de réseaux récurrent est que, contrairement aux réseaux profonds dits « classiques », ils repèrent des dépendances temporelles et non hiérarchiques. Pour pallier à ce problème, il semble nécessaire d'empiler les réseaux récurrents, ce qui a vite des conséquences significatives en termes de temps de calculs dès qu'on traite des séquences un peu longues.

Une autre architecture intéressante est celle des réseaux convolutionnels exposés plus haut. Dans la façon de procéder décrite plus haut, un acide aminé est traité comme un « mot ». Cela ne correspond pas nécessairement à une quelconque réalité, à moins qu'on pense qu'une lettre est un mot. Il n'existe cependant pas de moyen d'extraire à priori un « mot » (un groupe d'acides) d'une chaîne peptidique : il n'y a pas d'acide « séparateur ». Cependant, les réseaux convolutionnels offrent un moyen alternatif de repérer ces mots : si une `feature map` est appliquée sur 7 acides, alors cette `feature map` sera capable de repérer (après entraînement) un

mot (caractéristique) de longueur inférieure ou égale à 7.

En outre, l'idée de pouvoir utiliser une « fenêtre glissante » pour étudier des fragments d'une chaîne plus longue a été préservée.

2.4 Etude préliminaire sur séquences artificielles

Afin d'orienter notre recherche sur les séquences peptidiques et mieux comprendre le fonctionnement des réseaux neuronaux et leurs comportements face à différentes situations, nous avons procédé à quelques expérimentations préliminaires sur deux types de tâches : un entraînement d'auto-encodeurs et un entraînement de classificateur.

Nous avons généré aléatoirement plusieurs jeux de données pour comparer les capacités de diverses architectures d'auto-encodeurs et classificateurs. Nous avons testé deux types de jeux de données : un jeu de données où la première moitié de la chaîne est fixée et où la seconde moitié est telle que chaque lettre est tirée avec probabilité uniforme ; et un jeu de données où la première moitié est tirée avec probabilité uniforme sur chaque lettre et où la seconde moitié est égale à la première moitié.

2.4.1 Auto-encodeurs

Nous envisageons principalement deux architectures d'encodeurs : un réseau convolutionnel (à couches multiples) et un réseau récurrent LSTM (à une ou plusieurs couches) dont nous récupérons la dernière sortie. Le décodeur est dans tous les cas un réseau récurrent LSTM.

Les deux architectures n'ont aucun problème à repérer la caractéristique des données dont le début est fixé, ce qu'elle reconstitue très bien. Par contre, il semble que l'architecture dont l'encodeur est un réseau convolutionnel ne parvient pas à décoder correctement les caractères aléatoires. De plus, il ne semble même pas repérer la relation de « copie » présente dans le second jeu de données. Au contraire, il semble que l'encodeur récurrent, même à une seule couche apprend très vite à créer des mots dont les deux moitiés sont très similaires, même si elles n'ont pas grand chose à voir avec l'entrée réelle. Sous condition de disposer d'un temps d'entraînement assez long, l'encodeur récurrent permet aussi de reconstituer correctement les caractères tirés aléatoirement.

2.4.2 Classificateurs

Nous avons étudié deux architectures de classificateurs, qui correspondent principalement à l'encodeur (non pré-entraîné) des auto-encodeurs précédents auxquels un neurone final est ajouté pour prendre la décision finale de classification. Le jeu de donnée fourni correspondait à une moitié de chaînes suivant une règle spécifique (premières lettres fixes ou copie), et d'une moitié de chaînes purement aléatoires. L'objectif était de savoir si le classificateur était à même de repérer des corrélations entre différentes positions.

La classification fonctionne bien dans les deux cas. De manière assez intéressante, cela veut dire que les réseaux convolutionnels sont bien capables de reconnaître les "points caractéristiques" de chaînes de caractères, mais le décodeur récurrent n'est pas capable de reconstituer la chaîne à l'aide de l'information contenu dans la représentation latente. Il est à noter cependant que les minima locaux ont présenté un problème avec une initialisation aléatoire uniforme simple, puisque le classificateur avait tendance à toujours répondre la même chose. On constatait donc un point de selle de la fonction à minimiser par le réseau.

2.5 Étude de la corrélation de paramètres

Les auto-encodeurs que nous avons entraîné génèrent une représentation intermédiaire dans un premier temps. Nous avons voulu étudier cette représentation intermédiaire pour en apprendre plus sur les choses auxquelles l’auto-encodeur fait attention quand il encode la protéine et qui lui permettent de reconstruire par la suite la protéine. [14] a déjà effectué une étude sur la capacité de réseaux d’auto-encodeurs empilés à classifier la structure secondaire de protéines, mais cette étude ne s’est malheureusement pas attardée sur le problème de la représentation intermédiaire.

Une première étude sur la façon dont les représentations latentes se regroupaient dans l’espace avec des méthodes de clustering ne s’est pas avérée révéler un quelconque critère d’ordonnement des fragments. Une façon de relever des caractéristiques sur la représentation intermédiaire acquises est d’étudier les corrélations existant entre ses caractéristiques et des paramètres liés au fragment de protéine étudiés. Nous avons décidé d’étudier les paramètres de la représentation intermédiaire suivants : sa norme, ses coordonnées dans l’espace latent et la distance entre la représentation latente de deux fragments. De fait, il a fallu distinguer deux types de données pour effectuer l’étude des corrélations puisqu’il a fallu étudier des caractéristiques propres à un fragment, et des caractéristiques d’un couple de fragments.

Paramètres d’un unique fragment Pour ce qui est des caractéristiques propres à un fragment, nous avons étudié son hydropathie moyenne, sa charge moyenne, la présence d’acides aminés dans la chaîne peptidique (regroupés en 5 catégories : Aliphatic, Aromatic, Neutral, Acidic, Basic) et le fait que la chaîne est uniquement composée d’acides appartenant à une hélice- α ou à une feuille- β . Ce dernier point a été fait à l’aide l’outil DSSP introduit au début de cette section.

Paramètres d’un couple de fragments Nous avons fait l’étude, en outre de la distance entre les représentation latentes, du score d’alignement entre les fragments (global et local) et du score de super-imposition structurale (relativement aux *carbones* – α , [10]).

3 Expériences et évaluation

3.1 Auto-encodeurs

3.1.1 Modèles entraînés

Les chaînes protéiques étudiées sont longues (jusqu’à 300 caractères). Les auto-encodeurs sont entraînés non pas sur les chaînes protéiques mais sur des fragments de chaînes peptidiques de taille 11, ce qui facilite les calculs et correspond à une fenêtre permettant d’observer quelques structures secondaires. De plus, cela présente l’avantage significatif d’augmenter très significativement le nombre d’exemples d’entraînement disponibles, ce qui est très important en apprentissage profond.

Les auto-encodeurs décrits dans l’étude préliminaire sont ceux qui ont été employés à nouveau dans cette étude des fragments. Il peut paraître surprenant d’utiliser l’auto-encodeur convolutionnel ici alors qu’il n’avait pas réussi à accomplir sa tâche désigné. Néanmoins, cela ne veut pas dire qu’il n’a pas pu apprendre de représentation intermédiaire intéressante. Ainsi, nous avons tout de même entraîné un auto-encodeur convolutionnel dans l’espoir de pouvoir en faire une étude par la suite. Deux représentation ont été employées pour les acides ami-

nés : celle basées sur les caractères physico-chimiques décrite plus haut pour l'auto-encodeur récurrent, et une représentation one-hot pour les deux architectures proposées.

Les entraînements ont été effectués sur 100 epochs (cycle d'entraînement sur les exemples) pour les représentations one-hot et 30 epochs pour la représentation experte avec des paramètres de dropout de 0.1 à chaque fois. Les encodeurs récurrents sont constitué de 3 réseaux récurrents projetant l'entrée dans un espace latent de dimension 20 pour la représentation one-hot et 50 pour la représentations experte, tandis que l'encodeur convolutionnel est constitué de 5 couches convolutionnelles de paramètres précisés en annexe. Le décodeur est à chaque fois constitué d'un réseau récurrent simple.

3.1.2 Pertinence de la reconstitution

L'entraînement de l'auto-encodeur récurrent à représentation one-hot a rapidement donné des résultats très satisfaisants en termes de reconstitution des fragments avec une représentation latente de dimensions raisonnablement faible (20 dimensions). L'entraînement des autres auto-encodeurs a par contre nécessité plus d'efforts, dont une initialisation aléatoire pertinente du réseau.

Un gros problème dans notre approche est qu'il n'est pas suffisant de savoir que l'auto-encodeur apprend bien quelque chose, il faut aussi vérifier qu'il apprend bien quelque chose sur la structure de fragments issus de protéines et non par sur les chaînes de longueur 11 de manière générale. Si la représentation acquise concerne les chaînes de longueur 11 en général, cela ne voudra cependant pas dire que les données obtenues par la suite sont complètement inexploitable. En effet, il n'est pas impossible que l'agencement des acides aminés obéisse à des règles plus générales. Une façon de vérifier les choses et de tester une tâche de classification comme envisagé plus tôt. Si les résultats obtenus mettent en évidence une amélioration avec le pré-entraînement, cela suggérerait que la représentation obtenue est au moins exploitable pour l'apprentissage sur des fragments de protéines.

Une autre façon de procéder serait de vérifier le taux d'acides devinés correctement par l'auto-encodeur et comparer ces taux entre les résultats obtenus sur des éléments de l'ensemble de validation et ceux obtenus sur des chaînes générées aléatoirement. Malheureusement, une telle approche n'est possible que dans le cas des auto-encodeurs récurrents sur une représentation one-hot. Dans les autres cas, la représentation obtenue n'est de toute façon pas assez proche de celle attendue pour avoir une réponse à notre interrogation. De plus, le problème soulevé est nettement moins préoccupant dans le cas de la représentation physico-chimique puisque l'apprentissage se fait sur un alphabet « spécialisé » de toute façon. Les résultats obtenus sur un auto-encodeur récurrent sur représentation one-hot montre une amélioration de performance de 50% selon le critère avancé. Cette amélioration est cependant moins nette (de l'ordre de 6%) quand on élimine des situations problématiques - des caractères apparaissant rarement - pour l'autoencodeur, mais laisse tout de même penser qu'un mécanisme d'inférence apparaît durant l'entraînement.

3.1.3 Corrélations

Les cartes de corrélations obtenues sont présentées dans ce rapport en annexe à l'exception de celle pour des fragments individuels dans le cas de l'auto-encodeur récurrent à représentation one-hot (**Figure 8**) jugée représentative des résultats obtenus.

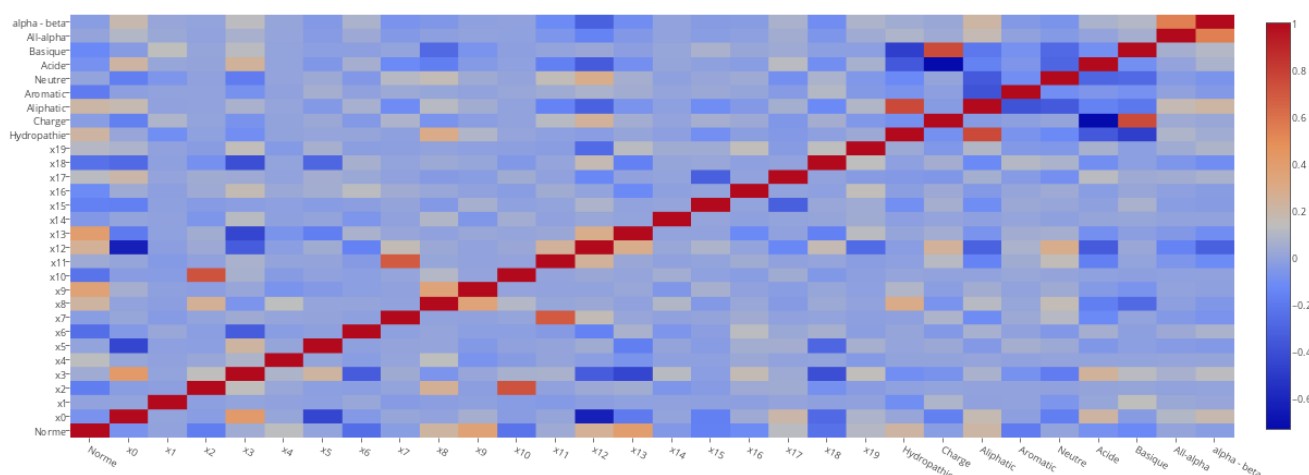


FIGURE 8 – Carte de corrélation sur les fragments individuels

Etude de fragments individuels Une étude des corrélations entre les paramètres propres à la représentation latente obtenue par l’encodeur et les caractéristiques physico-chimiques des fragments considérés suggère plusieurs choses :

- Les représentation latentes (dans un espace de dimension 20) sont principalement réparties dans un espace bi-dimensionnel. En effet, la norme ne semble corrélée qu’à 4 dimensions, et il y a parmi ces 4 dimensions 2 paires de dimensions fortement corrélées. Cela suggère donc la mise en évidence d’un espace de plus faibles dimensions repéré par l’auto-encodeur qui à partir d’un espace de dimensions $26 \times 11 = 286$ injecté dans un espace de dimension 20 crée une représentation concentrée dans un espace presque bi-dimensionnel.
- On semble remarquer une certaine corrélation entre la norme, une dimension de la représentation latente, et l’hydropathie moyenne du fragment. Cela suggère que l’hydropathie moyenne du fragment est un facteur discriminant permettant de bien différencier les fragments (en tant que chaînes peptidiques) entre eux.
- On observe un phénomène similaire pour la charge moyenne du fragment, bien que cette fois la corrélation ne se fait qu’avec une dimension de la représentation latente, et non pas avec la norme elle-même.
- En revanche, les résultats sont moins clairs pour ce qui est des caractéristiques liées aux structures secondaires qui présentent peu, ou pas, de corrélation avec la représentation latente acquise par l’encodeur récurrent.
- Les corrélations sont beaucoup plus faibles avec la représentation « experte » discutée, ce qui pose des questions quand à ce qui est réellement appris par l’encodeur dans ce cas.

Étude sur des paires de fragments L’étude sur des couples de fragments ne s’est par contre pas avérée mettre en lumière une quelconque corrélation, si ce n’est que l’alignement structural entre deux fragments est légèrement moins décorrélé de leur distance que leur score d’alignement séquentiel. Il est remarquable que ce ne soit pas le cas. Dans le processus « d’embedding » en langage naturel, la représentation extraite garde des propriétés de translation relative à des relations sémantiques (comme une translation fixe entre féminin et masculin).

Si le procédé d'acquisition de cette « représentation » (qui n'est ni plus ni moins qu'une représentation latente) ne se fait pas exactement par auto-encodage, l'embedding acquis demeure une représentation utile à l'apprentissage profond. Il n'aurait donc pas été absurde d'espérer voir une relation similaire apparaître dans le cas de notre représentation intermédiaire sur les fragments de protéines. L'absence de telle relation pourrait indiquer que, du point de vue de l'auto-encodeur du moins, une telle information est d'importance secondaire pour l'encodage et décodage des protéines.

3.2 Classificateur

3.2.1 Modèle entraîné

Pour le classificateur, nous avons utilisé l'encodeur de l'auto-encodeur précédent comme "fenêtre glissante" avant de décider avec un neurone final. L'idée est que pour chaque facteur de taille 11 d'une chaîne peptidique, on applique l'encodeur de l'auto-encodeur entraîné de manière non supervisée (**Figure 9**). De cette manière, nous espérons éviter autant que possible une mauvaise initialisation du réseau comme décrit dans [25]

Le classificateur en lui-même dispose de 4 couches (dont le détail des paramètres est donné en annexe) et le dropout est encore fixé à 0.1.

3.2.2 Améliorations de performances par pré-entraînement

On constate dans tous les cas une amélioration nette de la performance du classificateur pré-entraîné (**Figure 10 et 11**, voir annexe pour l'encodeur convolutionnel). Non seulement la précision de la classification s'améliore plus rapidement, mais la précision limite atteinte est significativement meilleure (une amélioration de l'ordre de 25% est détectée pour l'encodeur récurrent à représentation one-hot). De plus, il est intéressant de noter un « décrochage » entre la précision d'entraînement et celle de test pour le classificateur non pré-entraîné, non constatée dans le cas pré-entraîné.

Le processus d'entraînement est néanmoins un processus stochastique dépendant fortement des paramètres initiaux du classificateur. De fait, les données collectées ne peuvent que suggérer une amélioration due à notre découpage du problème.

3.3 Contributions principales

Etude de représentations latentes Les représentations latentes des auto-encodeurs sont typiquement utilisées pour obtenir une représentation caractérisant des éléments bas niveaux intéressant pour qu'un réseau profond puisse travailler. De nombreux travaux ont démontré

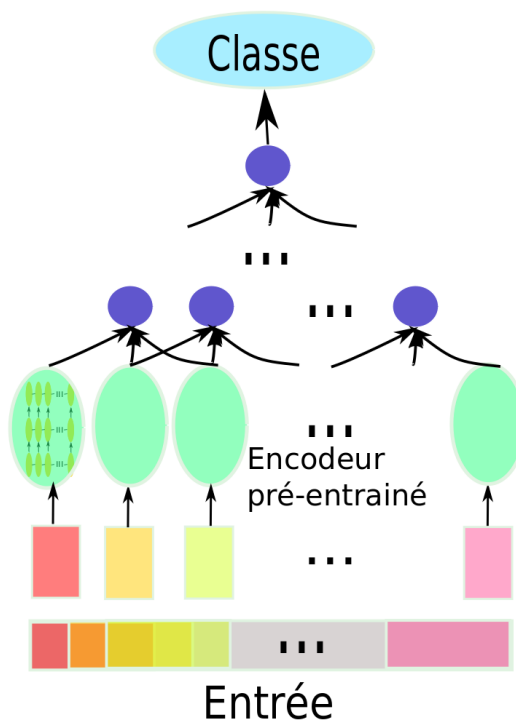


FIGURE 9 – Classificateur employé

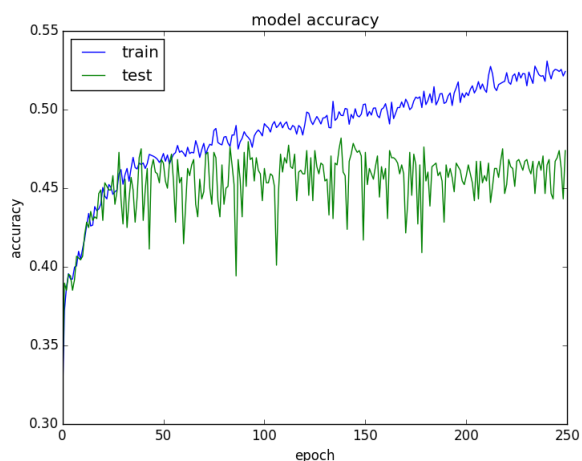


FIGURE 10 – Performance pour le classificateur non pré-entraîné

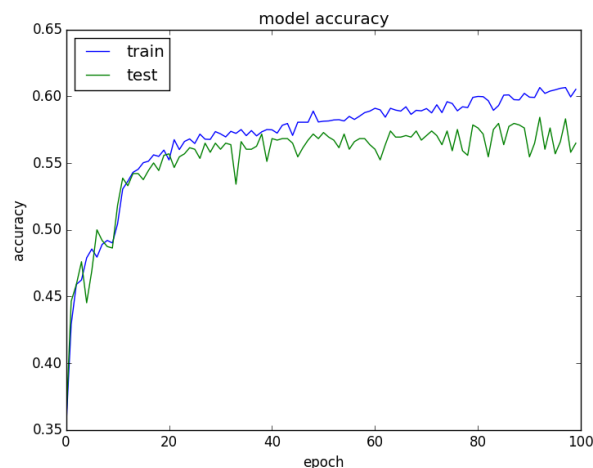


FIGURE 11 – Classificateur pré-entraîné avec encodeur récurrent à représentation one-hot

leur efficacité dans ce contexte, ce qui explique leur utilisation pour initialiser un réseau quand il n’y a pas assez de données pour se contenter d’initialiser aléatoirement selon les techniques récentes qui en requièrent des quantités importantes.

Si nous avons aussi utilisé cette approche pour initialiser un classificateur, ce qui était nécessaire de part la faible quantité d’exemples labélisés inhérente au domaine d’étude, cela n’a pas été notre seule exploitation des auto-encodeurs. Il est plus rare de voir des études sur cette représentation même, sans passer par un réseau neuronal capable d’apprendre à interpréter à partir de l’information contenue dans la représentation latente. Cela peut s’expliquer par la nature des domaines d’application usuels : si on veut apprendre à un classificateur à reconnaître les images d’animaux, nous avons peu de choses à apprendre d’une étude sur les représentations latentes puisque nous comprenons déjà bien ce qui caractérise les images d’animaux. Par contre, ce qui régit le fonctionnement des protéines est moins clair. Néanmoins, le problème de la bonne compréhension des représentations intermédiaires acquises n’est pas unique à notre domaine d’étude. Elle se pose aussi en bio-médical où rendre les raisonnements logiques de potentiels outils de diagnostics clairs est important. Notre étude a montré diverses approches permettant d’essayer d’étudier quelles caractéristiques connues et mesurables par un expérimentateur se rapprochent de celles reconnues par l’auto-encodeur. Une telle approche pourrait être ré-utilisée dans d’autres domaines où les mécanismes en jeu demeurent relativement obscurs.

Méthodologie pour passer d’une représentation locale à globale La grande majorité des études réalisées sur les protéines dans le cadre de l’apprentissage profond sont des études sur des fragments locaux. Cela se justifie par le manque d’exemples labélisés pour faire de l’apprentissage profond, et la difficulté d’étudier des chaînes longues avec des encodeurs récurrents. Nous avons séparé le problème en étudiant d’abord des fragments de chaînes peptidiques de taille 11 avant de montrer qu’un apprentissage non supervisé sur ces fragments permet d’acquérir une représentation utile à des tâches sur des chaînes de grandes tailles.

Ce type d’approche, assez proche de certains principes algorithmiques peut se comprendre de la manière suivante : un acide aminé n’est pas une molécule chimique dans un vide complet, mais une molécule chimique au contact d’autres molécules chimiques. Il y a en langage natu-

rels une idée de représentation distribuée des mots à partir de leurs voisins. C'est en quelque sorte ce que nous avons fait avec des fragments de taille 11 même si ce n'était pas l'objectif premier et que les acides aminés sont manipulés comme des vecteurs one-hot.

Pistes de recherche Si plus de temps avait été disponible, il aurait avant tout été possible d'explorer d'autres architectures comme un auto-encodeur dense classique (mais d'après la littérature, un tel encodeur généralise mal après entraînement) ou le modèle exposé dans [3] ou même [2]. De tels architectures, qui semblaient un peu complexe pour une première expérimentation (nécessiterait de faire une implémentation bas niveau puisque non supportée par keras) semblent tout de même particulièrement proches des problématiques posées par l'étude de fragments de protéines.

De plus, il n'a pas été possible, pour des raisons de temps et/ou de puissance de calcul de procéder à l'entraînement d'auto-encodeurs sur des chaînes longues (non mené à termes car les premiers essais étaient très décourageants), ou de tester des hyper-paramètres différents comme la taille des fragments considérés ou la dimension de l'espace de représentation latente.

Dans [1] une étude est menée sur la représentation distribuée des acides aminés en considérant des fenêtres de taille 3 avec des résultats remarquables sur la représentation obtenue des acides aminés. Il semble intéressant d'utiliser cette représentation pour nos acides aminés, ce qui créerait en supplément de notre étude sur des fragments de taille 11 une inférence hiérarchique sur les acides aminés.

Conclusion

L'apprentissage profond offre des outils tels que les réseaux récurrents pour mener une étude des protéines. Néanmoins des problèmes se posent, comme le manque d'exemple d'entraînement labélisés, ou la longueur des chaînes de caractères étudiées. Pour surmonter ces difficultés nous nous sommes particulièrement intéressés aux représentations latentes de fragments de protéines de tailles courtes.

Diverses architectures nous ont donné des résultats complémentaires, mais toutes ont montré une corrélation des paramètres de la représentation interne avec des caractéristiques physico-chimiques des fragments étudiés. Cette représentation suggère de plus une structure intrinsèque aux fragments de protéines de part le peu de dimension selon lesquelles la représentation latente évolue pour un fragment de protéines.

Pour ajouter une validation supplémentaire, nous avons ré-utilisé cette validation interne pour pré-entraîner un classificateur convolutionnel à 4 couches, et les résultats montrent une nette amélioration de performances pour le classificateur pré-entraîné, ce qui montre que la représentation latente acquise est au moins supérieure à une simple représentation one-hot des acides aminés.

Cette étude demeure non moins une étude préliminaire qui ne fait que suggérer des pistes de recherches à explorer et vérifier plus en détail. Il faut de plus noter que des travaux sur des fragments plus courts existent, et pourraient permettre d'utiliser une représentation plus judicieuse des acides aminés. Enfin, dans notre étude très exploratoires, les hyper-paramètres, bien qu'aiguillés par des intuitions dues à nos connaissances sur les protéines, ont été fixés de manière arbitraire et l'étude plus détaillée de leur influence semble toute indiquée.

Références

- [1] Ehsaneddin ASGARI et Mohammad RK MOFRAD. “Continuous Distributed Representation of Biological Sequences for Deep Proteomics and Genomics”. In : *PloS one* 10.11 (2015), e0141287.
- [2] Dzmitry BAHDANAU, Kyunghyun CHO et Yoshua BENGIO. “Neural machine translation by jointly learning to align and translate”. In : *arXiv preprint arXiv :1409.0473* (2014).
- [3] Kyunghyun CHO et al. “Learning Phrase Representations using RNN Encoder-Decoder for Statistical Machine Translation”. In : *CoRR* abs/1406.1078 (2014). URL : <http://arxiv.org/abs/1406.1078>.
- [4] François CHOLLET. *Keras*. <https://github.com/fchollet/keras>. 2015.
- [5] Peter J. A. COCK et al. “Biopython : freely available Python tools for computational molecular biology and bioinformatics”. In : *Bioinformatics* 25.11 (2009), p. 1422–1423. DOI : 10.1093/bioinformatics/btp163. eprint : <http://bioinformatics.oxfordjournals.org/content/25/11/1422.full.pdf+html>. URL : <http://bioinformatics.oxfordjournals.org/content/25/11/1422.abstract>.
- [6] John DUCHI, Elad HAZAN et Yoram SINGER. “Adaptive subgradient methods for online learning and stochastic optimization”. In : *Journal of Machine Learning Research* 12.Jul (2011), p. 2121–2159.
- [7] Naomi K FOX, Steven E BRENNER et John-Marc CHANDONIA. “SCOPe : Structural Classification of Proteins—extended, integrating SCOP and ASTRAL data and classification of new structures”. In : *Nucleic acids research* 42.D1 (2014), p. D304–D309.
- [8] Yarín GAL. “A theoretically grounded application of dropout in recurrent neural networks”. In : *arXiv preprint arXiv :1512.05287* (2015).
- [9] Xavier GLOROT, Antoine BORDES et Yoshua BENGIO. “Deep Sparse Rectifier Neural Networks.” In : *Aistats*. T. 15. 106. 2011, p. 275.
- [10] Thomas HAMELRYCK et Bernard MANDERICK. “PDB file parser and structure class implemented in Python”. In : *Bioinformatics* 19.17 (2003), p. 2308–2310.
- [11] Geoffrey E HINTON et Ruslan R SALAKHUTDINOV. “Reducing the dimensionality of data with neural networks”. In : *Science* 313.5786 (2006), p. 504–507.
- [12] Geoffrey HINTON, NiRsh SRIVASTAVA et Kevin SWERSKY. “Lecture 6a Overview of mini-batch gradient descent”. In : ().
- [13] Sepp HOCHREITER et Jürgen SCHMIDHUBER. “Long short-term memory”. In : *Neural computation* 9.8 (1997), p. 1735–1780.
- [14] Liu JIAN-WEI et al. “Predicting protein structural classes with autoencoder neural networks”. In : *Control and Decision Conference (CCDC), 2013 25th Chinese*. IEEE. 2013, p. 1894–1899.
- [15] Wolfgang KABSCH et Christian SANDER. “Dictionary of protein secondary structure : pattern recognition of hydrogen-bonded and geometrical features”. In : *Biopolymers* 22.12 (1983), p. 2577–2637.
- [16] Yann LECUN et al. “Gradient-based learning applied to document recognition”. In : *Proceedings of the IEEE* 86.11 (1998), p. 2278–2324.
- [17] MARTIN ABADI et al. “TensorFlow : Large-Scale Machine Learning on Heterogeneous Systems”. In : (2015). Software available from tensorflow.org. URL : <http://tensorflow.org/>.

- [18] Yanjun QI et al. "A unified multitask architecture for predicting local protein properties". In : *PloS one* 7.3 (2012), e32235.
- [19] Rami AL-RFOU et al. "Theano : A Python framework for fast computation of mathematical expressions". In : *arXiv e-prints* abs/1605.02688 (mai 2016). URL : <http://arxiv.org/abs/1605.02688>.
- [20] Richard SOCHER et al. "Semi-supervised recursive autoencoders for predicting sentiment distributions". In : *Proceedings of the Conference on Empirical Methods in Natural Language Processing*. Association for Computational Linguistics. 2011, p. 151–161.
- [21] Matt SPENCER, Jesse EICKHOLT et Jianlin CHENG. "A Deep Learning Network Approach to Ab Initio Protein Secondary Structure Prediction". In : *IEEE/ACM Trans. Comput. Biol. Bioinformatics* 12.1 (jan. 2015), p. 103–112. ISSN : 1545-5963. DOI : 10.1109/TCBB.2014.2343960. URL : <http://dx.doi.org/10.1109/TCBB.2014.2343960>.
- [22] Nitish SRIVASTAVA et al. "Dropout : a simple way to prevent neural networks from overfitting." In : *Journal of Machine Learning Research* 15.1 (2014), p. 1929–1958.
- [23] Ilya SUTSKEVER, Oriol VINYALS et Quoc V LE. "Sequence to Sequence Learning with Neural Networks". In : *Advances in Neural Information Processing Systems* 27. Sous la dir. de Z. GHAHRAMANI et al. Curran Associates, Inc., 2014, p. 3104–3112. URL : <http://papers.nips.cc/paper/5346-sequence-to-sequence-learning-with-neural-networks.pdf>.
- [24] Pascal VINCENT et al. "Extracting and Composing Robust Features with Denoising Autoencoders". In : *Proceedings of the 25th International Conference on Machine Learning. ICML '08*. Helsinki, Finland : ACM, 2008, p. 1096–1103. ISBN : 978-1-60558-205-4. DOI : 10.1145/1390156.1390294. URL : <http://doi.acm.org/10.1145/1390156.1390294>.
- [25] Pascal VINCENT et al. "Stacked denoising autoencoders : Learning useful representations in a deep network with a local denoising criterion". In : *Journal of Machine Learning Research* 11.Dec (2010), p. 3371–3408.

A Détails sur les architectures utilisées

Encodeur convolutif L'encodeur convolutif est composé de 5 couches dont la composition est la suivante : 10 feature maps sur un fenêtre de taille 3, 10 feature maps sur un fenêtre de taille 2, 13 feature maps sur un fenêtre de taille 2, 3 feature maps sur un fenêtre de taille 2, 6 feature maps sur un fenêtre de taille 2.

Encodeur convolutif Le classificateur convolutif est composé de 4 couches dont la composition est la suivante : 30 feature maps sur un fenêtre de taille 5, 10 feature maps sur un fenêtre de taille 2, 3 feature maps sur un fenêtre de taille 2, 6 feature maps sur un fenêtre de taille 2. La sortie est ensuite ramenée sur une couche dense à 4 neurones pour prendre une décision.

B Résultats annexes

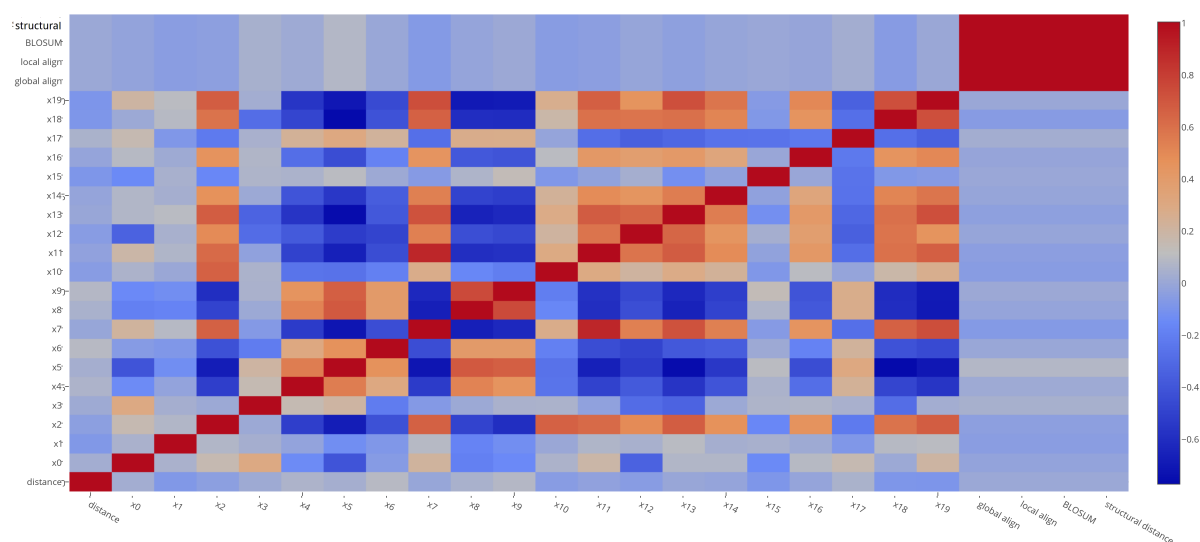


FIGURE 12 – Corrélations pour des paires de fragments avec l'encodeur récurrent à représentation one-hot

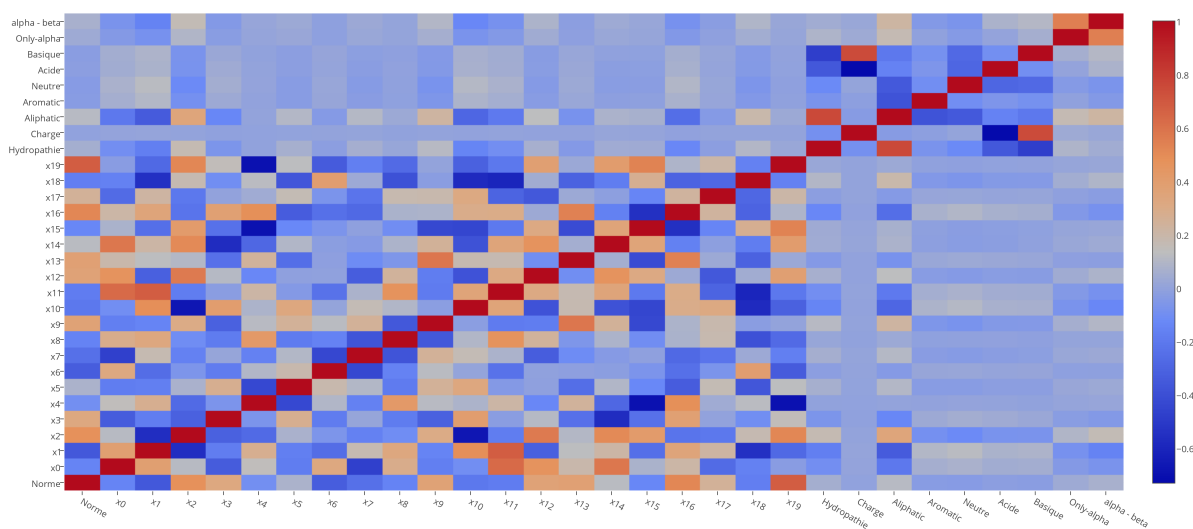


FIGURE 13 – Corrélations pour des fragments individuels avec l'encodeur convolutionnel à représentation one-hot

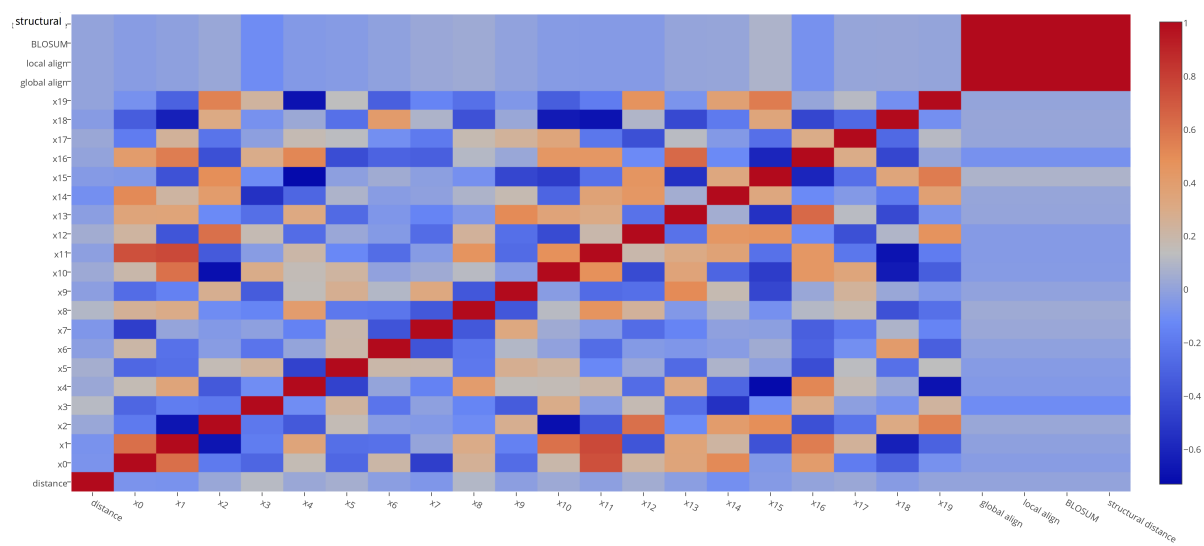


FIGURE 14 – Corrélations pour des paires de fragments avec l'encodeur convolutionnel à représentation one-hot

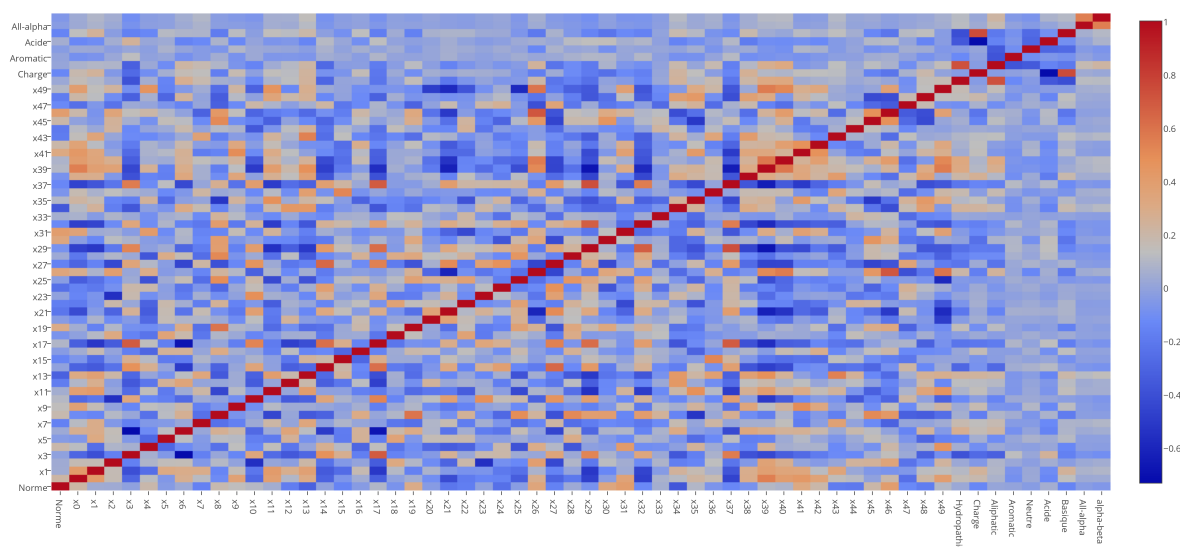


FIGURE 15 – Corrélations pour des fragments individuels avec l’encodeur récurrent à représentation experte

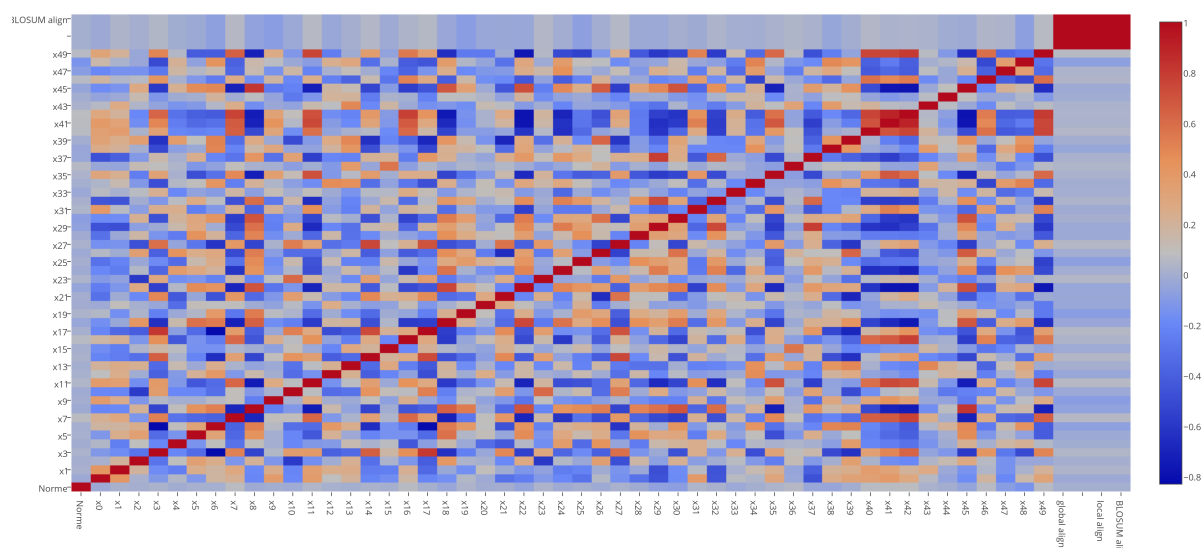


FIGURE 16 – Corrélations pour des paires de fragments avec l’encodeur récurrent à représentation experte

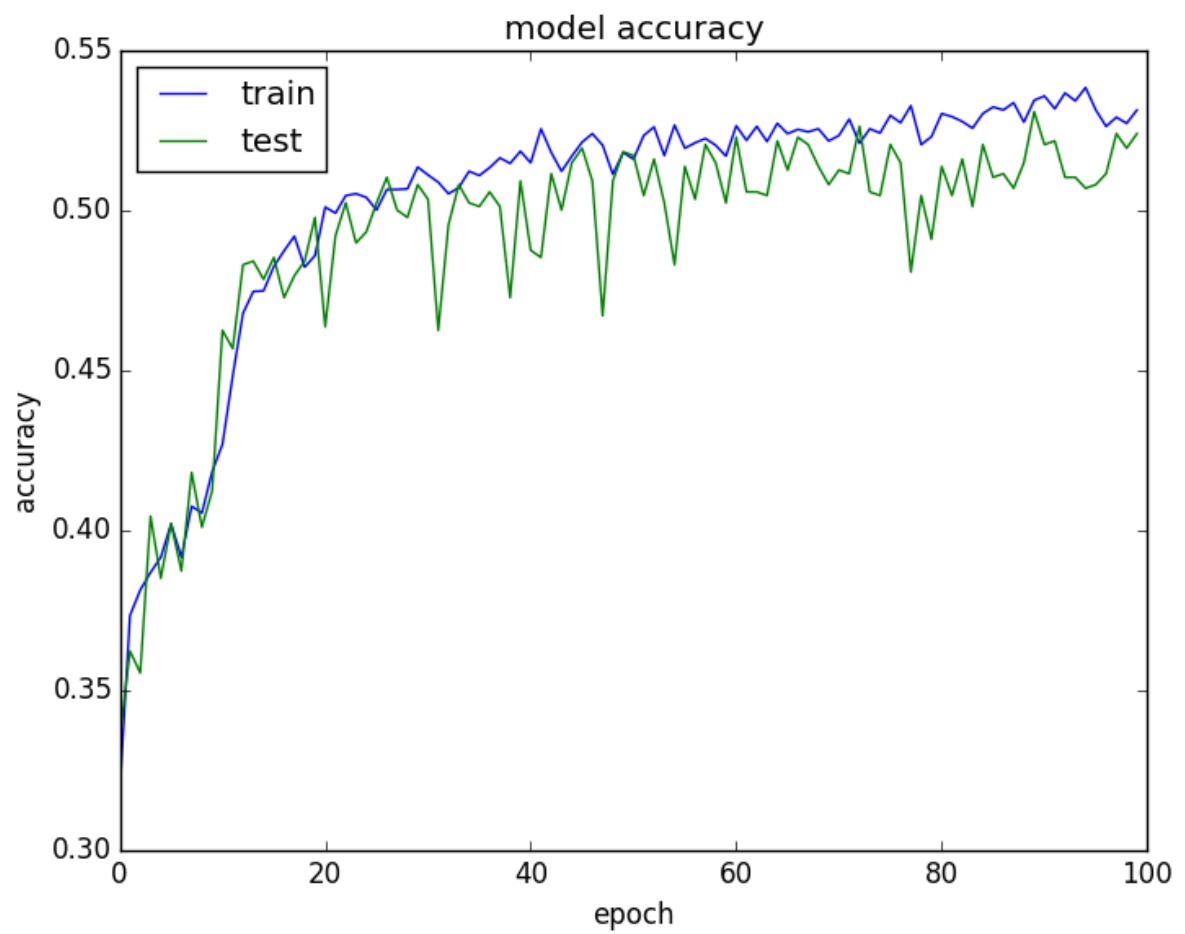


FIGURE 17 – Classificateur pré-entraîné avec encodeur convolutionnel à représentation one-hot