



THÈSE DE DOCTORAT

Apprentissage profond pour l'analyse
des organoïdes : modélisation par
graphes des architectures cellulaires
3D

Alexandre MARTIN

Laboratoire d'Informatique, de Signaux et Systèmes de Sophia Antipolis (I3S)
UMR7271 UCA CNRS

Présentée en vue de l'obtention
du grade de docteur en Informatique
d'Université Côte d'Azur

Dirigée par : Xavier DESCOMBES, Directeur
de recherche, I3S, INRIA, Université Côte
d'Azur

Soutenue le : 17 décembre 2025

Devant le jury, composé de :
Lionel FILLATRE, Professeur des universités, I3S, Université Côte d'Azur
Alin ACHIM, Professeur, University of Bristol
Daniel RACOCEANU, Professeur, Sorbonne Université
Francesco PONZIO, Assistant Professeur, Politecnico di Torino
Stéphan CLAVEL, Directeur de recherche, IPMC, Université Côte d'Azur

**APPRENTISSAGE PROFOND POUR L'ANALYSE DES ORGANOÏDES :
MODÉLISATION PAR GRAPHES DES ARCHITECTURES
CELLULAIRES 3D**

***Deep Learning for Organoid Analysis: Graph-Based Modeling of 3D
Cellular Architectures***

Alexandre MARTIN



Jury :

Président du jury

Lionel FILLATRE, Professeur des universités, I3S, Université Côte d'Azur

Rapporteurs

Alin ACHIM, Professeur, University of Bristol

Daniel RACOCEANU, Professeur, Sorbonne Université

Examinateurs

Francesco PONZIO, Assistant Professeur, Politecnico di Torino

Stéphan CLAVEL, Directeur de recherche, IPMC, Université Côte d'Azur

Directeur de thèse

Xavier DESCOMBES, Directeur de recherche, I3S, INRIA, Université Côte d'Azur

Alexandre MARTIN

*Apprentissage profond pour l'analyse des organoïdes : modélisation par graphes
des architectures cellulaires 3D*

xv+162 p.

À toi lecteur

Résumé

Les organoïdes, ces mini-organes cultivés *in vitro*, révolutionnent la recherche biomédicale en offrant des modèles tridimensionnels qui reproduisent la complexité des tissus humains. Cependant, leur analyse reste largement tributaire de méthodes manuelles, lentes et sujettes à des biais d'interprétation. Ces structures, composées de cellules organisées en réseaux d'interactions spatiales et fonctionnelles, nécessitent des outils capables de capturer non seulement leur morphologie, mais aussi les relations cellulaires qui déterminent leur mode de fonctionnement. C'est dans ce contexte que les réseaux de neurones sur graphes (Graph Neural Networks, GNN) émergent comme une solution particulièrement adaptée, permettant de modéliser les organoïdes non plus comme des images statiques, mais comme des systèmes relationnels où chaque cellule est un noeud connecté à ses voisines par des liens reflétant des interactions biologiques.

Cette thèse propose une approche innovante pour la modélisation et la classification automatisée des organoïdes à partir de graphes cellulaires, en exploitant pleinement le potentiel des GNN. Contrairement aux méthodes classiques basées sur des descriptions manuelles ou des réseaux de neurones convolutifs, qui analysent les images pixel par pixel, les GNN permettent d'intégrer des informations structurelles et contextuelles, en représentant chaque organoïde comme un réseau où les noeuds encodent des propriétés cellulaires (taille, forme, expression de marqueurs) et les arêtes capturent les relations spatiales. Cette représentation relationnelle ouvre la voie à une classification plus fine et plus interprétable, capable de distinguer des phénotypes subtils – comme des stades précoce de différenciation ou des altérations pathologiques – qui échappent aux approches traditionnelles.

Pour surmonter les défis posés par la rareté des données annotées et la variabilité intrinsèque des organoïdes, cette thèse développe une pipeline complète, depuis la construction de graphes cellulaires à partir d'images de microscopie jusqu'à l'apprentissage robuste de modèles de GNN. Une attention particulière est portée à la génération de données synthétiques via des modèles génératifs de graphes, afin d'enrichir les jeux d'entraînement et d'explorer des scénarios rares ou extrêmes.

Les applications de cette approche sont multiples : criblage à grande échelle de composés pharmaceutiques, diagnostic précoce de maladies à partir d'organoïdes dérivés de patients, ou encore optimisation des protocoles de culture pour standardiser la production d'organoïdes. À plus long terme, cette thèse jette les bases d'une analyse globale combinant imagerie, graphes cellulaires et données omiques, ouvrant la voie à une compréhension plus profonde des mécanismes biologiques sous-jacents et à des avancées en médecine personnalisée.

Abstract

Organoids—miniaturized, three-dimensional *in vitro* cultures that replicate the complexity of human tissues—are revolutionizing biomedical research. Yet their analysis remains heavily reliant on manual methods that are time-consuming, low-throughput, and prone to interpretative bias. These structures, composed of cells organized into spatial and functional interaction networks, demand analytical tools capable of capturing not only their morphology but also the cellular relationships that govern their behavior. In this context, Graph Neural Networks (GNNs) emerge as a particularly well-suited solution, enabling organoids to be modeled not as static images but as relational systems, where each cell is a node connected to its neighbors via edges representing biological interactions.

This thesis introduces an innovative framework for the automated modeling and classification of organoids using cellular graphs, fully leveraging the potential of GNNs. Unlike conventional approaches—based on manual descriptors or convolutional neural networks (CNNs), which analyze images pixel-by-pixel—GNNs integrate structural and contextual information by representing each organoid as a network. In this framework, nodes encode cellular properties (e.g., size, shape, marker expression) while edges capture spatial relationships. This relational representation enables finer and more interpretable classification, capable of distinguishing subtle phenotypes—such as early differentiation stages or pathological alterations—that elude traditional methods.

To address challenges posed by limited annotated data and the intrinsic variability of organoids, this work develops a comprehensive pipeline, from constructing cellular graphs from microscopy images to robust GNN training. Particular emphasis is placed on synthetic data generation via graph generative models to augment training sets and explore rare or extreme scenarios.

The applications of this approach are far-reaching : high-throughput drug screening, early disease diagnosis from patient-derived organoids, and optimization of culture protocols to standardize organoid production. In the long term, this thesis lays the groundwork for holistic multi-modal analysis—integrating imaging, cellular graphs, and omics data—to deepen our understanding of underlying biological mechanisms and advance precision medicine.

Remerciements

Merci !

Table des matières

1	Introduction générale	1
1.1	Contexte et motivation	1
1.1.1	Organoides : révolution en biologie cellulaire et médecine régénérative	1
1.1.2	Applications thérapeutiques et criblage de médicaments	1
1.1.3	Verrous scientifiques : quantification et standardisation	2
1.2	Problématique scientifique	3
1.2.1	Défis de l'analyse quantitative d'organoides 3D	3
1.2.2	Limites des méthodes actuelles	5
1.2.3	Besoin d'approches structurelles adaptées	7
1.3	Contributions de la thèse	8
1.3.1	Contribution 1 : Pipeline automatisé de bout en bout	8
1.3.2	Contribution 2 : Optimisation de la segmentation pour grand débit	8
1.3.3	Contribution 3 : Représentation par graphes géométriques et GNNs	9
1.3.4	Contribution 4 : Génération de données synthétiques contrôlées	10
1.3.5	Contribution 5 : Étude comparative statistiques spatiales vs GNN	10
1.3.6	Contribution 6 : État de l'art des GNN géométriques	11
1.4	Organisation du manuscrit	11
1.4.1	Chapitre 2 : État de l'art	11
1.4.2	Chapitre 3 : Fondements théoriques	12
1.4.3	Chapitre 4 : Méthodologie	12
1.4.4	Chapitre 5 : Résultats	12
1.4.5	Chapitre 6 : Conclusion	12
2	État de l'art : Organoides, Images et Graphes	15
2.1	Organoides : biologie et applications	15
2.1.1	Définitions et types d'organoides	15
2.1.2	Mécanismes de formation et auto-organisation	16
2.1.3	Applications en recherche et en médecine	17
2.2	Analyse d'images biomédicales 3D	18
2.2.1	Modalités d'imagerie pour organoides	18
2.2.2	Défis spécifiques de l'imagerie d'organoides	20
2.2.3	Contraintes computationnelles	20
2.3	Méthodes d'analyse existantes	21
2.3.1	Analyse manuelle : référence mais non scalable	21
2.3.2	Segmentation cellulaire : état de l'art	21
2.3.3	Approches par vision par ordinateur classique	23
2.3.4	Approches récentes spécifiques aux organoides	24
2.3.5	Deep learning pour les images biomédicales	24
2.3.6	Approches basées graphes en histopathologie	26
2.4	Positionnement de la thèse	26

2.4.1	Lacunes identifiées dans la littérature	26
2.4.2	Originalité de l'approche proposée	27
2.4.3	Verrous scientifiques et techniques adressés	28
2.4.4	Positionnement par rapport aux approches concurrentes	29
2.4.5	Questions de recherche principales	29
3	Fondements théoriques des Graph Neural Networks	31
3.1	Théorie des graphes	31
3.1.1	Définitions formelles	31
3.1.2	Représentations matricielles	32
3.1.3	Métriques et propriétés topologiques	33
3.1.4	Graphes géométriques : spécificités	34
3.2	Graph Neural Networks : principes généraux	35
3.2.1	Motivations : pourquoi des architectures spécialisées ?	35
3.2.2	Paradigme du Message Passing Neural Network	35
3.2.3	Couches de convolution sur graphes	37
3.2.4	Pooling et agrégation globale	38
3.3	Ensembles non ordonnés et DeepSets	39
3.3.1	Motivation : traitement d'ensembles et nuages de points	39
3.3.2	Théorème de représentation universelle de DeepSets	40
3.3.3	Architecture DeepSets	41
3.3.4	PointNet : DeepSets pour nuages de points 3D	41
3.3.5	Lien avec les Graph Neural Networks	42
3.4	Architectures GNN standards	44
3.4.1	Graph Convolutional Networks (GCN)	44
3.4.2	Graph Attention Networks (GAT)	46
3.4.3	GraphSAGE : sampling et agrégation	48
3.4.4	Graph Isomorphism Network (GIN)	50
3.4.5	Autres architectures notables	52
3.5	GNNs géométriques : architectures E(n)-équivariantes	54
3.5.1	Symétries géométriques et groupes de transformation	54
3.5.2	Invariance vs équivariance	54
3.5.3	Architectures GNN géométriques principales	55
3.5.4	Panorama des GNNs géométriques : enseignements des surveys récents	59
3.5.5	Applications des GNNs géométriques	61
3.5.6	Adaptation aux données biologiques cellulaires	62
4	Méthodologie et pipeline de traitement	67
4.1	Architecture générale du pipeline	67
4.1.1	Vue d'ensemble	67
4.1.2	Choix de conception et compromis	67
4.1.3	Considérations pratiques	69
4.2	Acquisition et prétraitement des images	70
4.2.1	Notre dataset collaboratif d'organoides de prostate	70
4.2.2	Normalisation d'intensité	75
4.2.3	Débruitage	75

4.3	Segmentation cellulaire automatisée	76
4.3.1	Revue et comparaison des méthodes	76
4.3.2	Contributions méthodologiques : optimisation de la segmentation	77
4.4	Extraction et séparation des organoïdes	82
4.4.1	Conversion en nuages de points	82
4.4.2	Clustering spatial par DBSCAN	83
4.4.3	Filtrage	83
4.5	Construction de graphes géométriques	83
4.5.1	Définition des noeuds	83
4.5.2	Stratégies de connectivité	84
4.5.3	Features d'arêtes	85
4.5.4	Analyse de sensibilité	85
4.6	Génération de données synthétiques	86
4.6.1	Motivation et objectifs	86
4.6.2	Processus ponctuels implémentés	87
4.6.3	Construction du graphe via tessellation de Voronoï sphérique	88
4.6.4	Validation statistique des synthétiques	91
4.6.5	Stratégies d'augmentation	92
4.7	Architectures GNN implémentées	93
4.7.1	Architecture globale commune	93
4.7.2	GCN baseline	95
4.7.3	GAT baseline	95
4.7.4	EGNN principal	95
4.7.5	Variante : GNN hiérarchique	97
4.8	Entraînement et optimisation	97
4.8.1	Fonction de perte	97
4.8.2	Optimisation	98
4.8.3	Stratégies d'entraînement	98
4.8.4	Validation croisée	99
4.8.5	Recherche d'hyperparamètres	99
4.9	Implémentation	100
4.9.1	Stack technologique	100
4.9.2	Structures de données	100
4.10	Récapitulatif méthodologique	101
5	Expérimentations et résultats	103
5.1	Justification de l'approche GNN : étude comparative avec les statistiques spatiales	103
5.1.1	Motivation et contexte	103
5.1.2	Protocole expérimental	103
5.1.3	Résultats : robustesse au bruit	105
5.1.4	Résultats : généralisation géométrique	107
5.1.5	Synthèse de l'étude comparative	108
5.2	Protocole expérimental	110
5.2.1	Datasets	110
5.2.2	Métriques d'évaluation	111
5.2.3	Conditions expérimentales	112

5.3	Résultats sur données synthétiques	113
5.3.1	Performances de régression du coefficient de clustering global	113
5.3.2	Comparaison des architectures	114
5.3.3	Études d'ablation	115
5.3.4	Analyse de sensibilité aux hyperparamètres	116
5.4	Résultats sur données réelles	117
5.4.1	Performances de classification	117
5.4.2	Comparaison avec méthodes de référence	118
5.4.3	Courbes d'apprentissage (data efficiency)	119
5.4.4	Généralisation inter-expérimentale	119
5.5	Approche hybride : synthétiques + réels	120
5.5.1	Protocole de pré-entraînement et fine-tuning	120
5.5.2	Gains de performances	120
5.5.3	Analyse des représentations apprises	121
5.6	Discussion des résultats	121
5.6.1	Forces de l'approche	121
5.6.2	Limitations et cas d'échec	122
5.6.3	Comparaison critique avec l'état de l'art	124
5.6.4	Compromis précision-efficacité	124
5.7	Synthèse	124
6	Conclusion et perspectives	127
6.1	Synthèse des contributions	127
6.1.1	Récapitulatif des verrous levés	127
6.1.2	Avancées méthodologiques	128
6.1.3	Résultats expérimentaux majeurs	129
6.1.4	Apports pour la communauté scientifique	129
6.2	Limitations et défis	130
6.2.1	Généralisabilité à différents types d'organoïdes	130
6.2.2	Scalabilité aux très grands organoïdes	131
6.2.3	Robustesse aux variations d'acquisition	132
6.2.4	Dépendance à la segmentation	132
6.2.5	Coût initial d'annotation	133
6.2.6	Limitations méthodologiques	134
6.3	Perspectives à court terme	135
6.3.1	Extensions méthodologiques	135
6.3.2	Intégration de données multi-modales	137
6.3.3	Validation clinique	139
6.3.4	Développement d'outils utilisables	139
6.3.5	Apprentissage non supervisé pour organoïdes à labels incertains	140
6.4	Perspectives à long terme	142
6.4.1	Analyse spatio-temporelle	142
6.4.2	Modèles génératifs de graphes	143
6.4.3	Prédiction de réponse thérapeutique	144
6.4.4	Vers une analyse holistique multi-échelles	145
6.4.5	Applications en médecine de précision	147

6.5 Impact scientifique et sociétal	147
6.5.1 Accélération de la recherche	147
6.5.2 Applications en médecine personnalisée	148
6.5.3 Réduction de l'expérimentation animale	149
6.5.4 Économie de la santé	150
6.6 Conclusion finale	150
6.6.1 Bilan scientifique	150
6.6.2 Portée et transférabilité	151
6.6.3 Vision future	151
6.6.4 Message final	152
Notations	153
Références	157

CHAPITRE 1

Introduction générale

1.1 Contexte et motivation

1.1.1 Organoïdes : révolution en biologie cellulaire et médecine régénérative

Les organoïdes, ces structures tridimensionnelles cultivées *in vitro* qui miment la complexité architecturale et fonctionnelle des organes humains, représentent une avancée majeure en biologie cellulaire et en médecine régénérative (Zhao et al., 2022). Contrairement aux cultures cellulaires bidimensionnelles traditionnelles où les cellules sont forcées de croître sur des surfaces planes artificielles, les organoïdes reproduisent l’organisation spatiale tridimensionnelle, les interactions cellulaires complexes, les gradients biochimiques et l’architecture tissulaire caractéristiques des tissus *in vivo*.

Depuis leur première description pour l’intestin en 2009 par l’équipe de Hans Clevers (Sato et al., 2009), les organoïdes ont été développés pour de nombreux organes : cerveau, rein, foie, poumon, pancréas, rétine, et bien d’autres. Ces mini-organes auto-organisés, typiquement de quelques centaines de micromètres à quelques millimètres de diamètre, peuvent être générés à partir de cellules souches embryonnaires (ESC), de cellules souches pluripotentes induites (iPSC), ou de cellules souches adultes résidentes dans les tissus.

La capacité des organoïdes à récapituler les processus développementaux, à maintenir l’hétérogénéité cellulaire des tissus natifs, et à répondre aux stimuli de manière physiologiquement pertinente en fait des modèles *in vitro* sans précédent. Ils combinent le fossé entre les cultures cellulaires 2D simplistes et les modèles animaux complexes et coûteux, offrant un compromis optimal entre contrôle expérimental, pertinence biologique et accessibilité.

1.1.2 Applications thérapeutiques et criblage de médicaments

Les applications des organoïdes s’étendent de la recherche fondamentale au développement thérapeutique et à la médecine personnalisée.

1.1.2.1 Modélisation de maladies

En oncologie, les organoïdes tumoraux dérivés directement de biopsies de patients (patient-derived organoids, PDOs) (Drost & Clevers, 2018) permettent de recréer *in vitro* l’hétérogénéité tumorale et le microenvironnement tumoral. Ces modèles fidèles peuvent être utilisés pour tester *ex vivo* l’efficacité de traitements personnalisés avant leur administration au patient, guidant ainsi les décisions thérapeutiques. Des biobanques d’organoïdes tumoraux sont actuellement constituées pour représenter la diversité génétique et phénotypique des cancers.

Dans le domaine des maladies génétiques, les organoïdes générés à partir de cellules iPSC de patients portant des mutations spécifiques (mucoviscidose, maladie de Huntington, syndromes neurodégénératifs) offrent des modèles cellulaires isogéniques permettant d'étudier les mécanismes pathologiques et de tester des approches thérapeutiques, y compris l'édition génomique par CRISPR-Cas9.

1.1.2.2 Criblage pharmacologique et développement de médicaments

Le criblage à haut débit de composés pharmaceutiques sur organoïdes (Clevers, 2016 ; Takebe, Wells, et al., 2018) promet d'accélérer considérablement la découverte de nouveaux médicaments. Contrairement aux lignées cellulaires immortalisées utilisées traditionnellement, les organoïdes offrent un contexte physiologique plus pertinent pour évaluer l'efficacité et la toxicité des composés. Des plateformes automatisées permettent désormais de cultiver, traiter et imager des centaines d'organoïdes en parallèle, générant des volumes de données massifs nécessitant des outils d'analyse automatisée.

Les organoïdes trouvent également application dans la stratification de patients pour les essais cliniques. En testant des cohortes d'organoïdes représentant différents sous-groupes de patients, il devient possible d'identifier a priori les populations les plus susceptibles de répondre à un traitement spécifique, réduisant ainsi les coûts et augmentant les chances de succès des essais.

1.1.2.3 Médecine régénérative et transplantation

À plus long terme, les organoïdes constituent une source potentielle de tissus pour la médecine régénérative. Des organoïdes de rétine ont déjà été transplantés avec succès chez des rongeurs, restaurant partiellement la vision (Lin et al., 2020). Les recherches actuelles visent à améliorer la vascularisation, l'innervation et la maturation fonctionnelle des organoïdes pour permettre leur utilisation clinique future.

1.1.3 Verrous scientifiques : quantification et standardisation

Malgré leur potentiel révolutionnaire, l'exploitation optimale des organoïdes se heurte à des défis majeurs de quantification, de standardisation et d'analyse.

1.1.3.1 Variabilité et reproductibilité

Les organoïdes présentent une variabilité importante à plusieurs niveaux :

Variabilité intra-expérimentale : Au sein d'une même expérience, les organoïdes diffèrent par leur taille, leur morphologie, leur composition cellulaire

Variabilité inter-expérimentale : Les résultats peuvent varier significativement entre laboratoires, dépendant des protocoles de culture, des lots de réactifs, des lignées cellulaires

Variabilité temporelle : L'évolution dans le temps des organoïdes introduit une dimension dynamique complexe

Cette variabilité, bien qu'en partie représentative de la diversité biologique naturelle, complique la comparaison quantitative et la reproductibilité des résultats, freinant l'adoption clinique de la technologie.

1.1.3.2 Défis d'analyse et de quantification

L'analyse quantitative des organoïdes 3D nécessite une approche multifacette. Il s'agit tout d'abord de pouvoir caractériser finement leur morphologie, que ce soit en termes de taille, de forme ou d'organisation cellulaire. Il est également essentiel d'identifier et de quantifier précisément les différentes sous-populations cellulaires présentes au sein des structures. Un autre aspect fondamental réside dans l'évaluation de la distribution spatiale des biomarqueurs moléculaires, afin de mieux comprendre l'organisation fonctionnelle des organoïdes. Par ailleurs, l'analyse doit être suffisamment sensible pour détecter des phénotypes subtils, qu'il s'agisse de signes précoces de différenciation ou de réponses à un traitement donné. Enfin, le suivi longitudinal des organoïdes, ainsi que l'analyse des dynamiques temporelles, sont nécessaires pour capturer l'évolution de ces systèmes complexes au cours du temps.

Les outils d'analyse actuels, principalement basés sur l'expertise humaine ou sur des méthodes semi-automatisées limitées, ne permettent pas de répondre efficacement à ces besoins, particulièrement dans un contexte de criblage à haut débit où des milliers d'organoïdes doivent être analysés.

1.1.3.3 Besoin d'outils automatisés robustes

Le développement d'outils d'analyse automatisés, robustes aux variations expérimentales, capables de quantifier objectivement les phénotypes, et suffisamment interprétables pour être adoptés par les biologistes, constitue un verrou critique pour libérer le plein potentiel des technologies organoïdes (Bai et al., 2023 ; Du et al., 2023). Bien que des approches basées sur l'intelligence artificielle aient émergé récemment pour l'analyse morphologique d'organoïdes, leur généralisation et leur adoption restent limitées. Cette thèse s'inscrit directement dans cette problématique.

1.2 Problématique scientifique

1.2.1 Défis de l'analyse quantitative d'organoïdes 3D

L'analyse quantitative des organoïdes 3D présente plusieurs défis majeurs qui motivent le développement de nouvelles approches méthodologiques.

1.2.1.1 Complexité morphologique tridimensionnelle

Les organoïdes présentent des architectures tridimensionnelles avec des arrangements cellulaires complexes difficiles à caractériser avec les méthodes traditionnelles. Contrairement à une image 2D où les cellules sont rangées dans un plan, les organoïdes sont des structures sphéroïdales ou tubulaires où les cellules s'organisent en couches concentriques, forment des lumens (cavités internes), développent des polarisations apico-basales, et établissent des jonctions intercellulaires orientées.

Cette géométrie 3D complexe nécessite des techniques d'imagerie volumétrique (microscopie confocale, light-sheet) générant des stacks d'images dont l'analyse requiert des outils computationnels sophistiqués. Les méthodes classiques de traitement d'images 2D ne peuvent capturer cette complexité tridimensionnelle sans perte d'information critique.

1.2.1.2 Hétérogénéité multi-échelles

Une variabilité importante existe à plusieurs échelles :

Échelle cellulaire : Au sein d'un même organoïde coexistent différents types cellulaires (cellules souches, cellules différencierées, cellules en prolifération ou en apoptose) avec des morphologies, tailles et états physiologiques variés.

Échelle organoïde : Les organoïdes d'un même puits de culture diffèrent par leur taille (de quelques dizaines à plusieurs milliers de cellules), leur forme (sphérique, ellipsoïdale, tubulaire), et leur degré de maturation.

Échelle expérimentale : Les conditions de culture (concentration en facteurs de croissance, lot de matrigel, passage cellulaire) introduisent des variations systématiques.

Cette hétérogénéité multi-échelles constitue à la fois une richesse biologique (représentativité de la diversité physiologique) et un défi analytique majeur pour l'extraction de signatures phénotypiques robustes.

1.2.1.3 Contraintes computationnelles

Les images 3D haute résolution d'organoïdes peuvent atteindre plusieurs gigaoctets par échantillon (typiquement $2048 \times 2048 \times 200$ voxels \times 3-4 canaux fluorescents \times 16 bits = 2-4 Go). Pour une expérience de criblage à haut débit impliquant des centaines d'organoïdes imaginés à plusieurs temps, le volume de données total peut dépasser le téraoctet.

Ces contraintes de stockage, de traitement et d'analyse posent des défis structurels :

- **Temps de calcul prohibitifs** pour les approches naïves (plusieurs heures par organoïde)
- **Limitations mémoire** empêchant l'utilisation de certaines architectures de deep learning
- **Coûts de stockage et de calcul** (cloud computing) importants
- **Nécessité d'optimisations algorithmiques et computationnelles**

1.2.1.4 Absence de datasets publics

Contrairement à d'autres domaines du deep learning (vision par ordinateur, traitement du langage) où existent de vastes datasets annotés publics (ImageNet, COCO), le domaine des organoïdes souffre d'un manque crucial de données annotées de qualité.

Les raisons sont multiples :

Coût d'annotation : L'analyse experte d'un organoïde 3D requiert 15 à 30 minutes de temps expert par spécimen

Subjectivité : Les critères de classification peuvent être subtils et sujets à interprétation, avec des accords inter-annotateurs parfois limités

Expertise requise : Seuls des biologistes spécialisés peuvent annoter fiablement certains phénotypes

Confidentialité : Les données dérivées de patients sont soumises à des restrictions de partage

Fragmentation : Les données sont dispersées entre laboratoires avec des protocoles hétérogènes

1.2.1.5 Notre dataset collaboratif

Dans le cadre de cette thèse et du projet ANR Morpheus, nous avons constitué un dataset d'organoïdes de prostate acquis et annotés entre mai 2023 et février 2025 via une collaboration

entre l'INRIA Sophia-Antipolis (équipe Morpheme), l'INSERM (équipe METATOX) et l'IPMC C3M :

Volume : 1,311 échantillons imagés, représentant 2,272 organoïdes individuels extraits

Phénotypes : 4 classes majeures bien caractérisées

- *Chouxfleurs* (morphologie en chou-fleur) : 732 échantillons (1,404 organoïdes)
- *Cystiques* (phénotype sain, formation de kystes/cavités) : 528 échantillons (817 organoïdes)
- *Compact* (structure dense) : 41 échantillons (41 organoïdes)
- *Kératinisés* (différenciation kératinique) : 10 échantillons (10 organoïdes)



Figure 1.1 – Vision 3D de deux organoïdes représentatifs de notre dataset : organoïde cystique (à gauche) présentant une morphologie saine avec formation d'une cavité centrale, et organoïde choux-fleurs (à droite) caractérisé par une structure plus irrégulière.

Protocole : Imagerie confocale 8-bit, magnifications 20× et 40×, analyse au 7ème jour de culture (J7)

Pipeline : Images brutes → Segmentation → Nuage de points 3D → Clustering DBSCAN → Création du graphe → Classification GNN

Métadonnées : Chaque organoïde est associé à des coordonnées 3D cellulaires, volumes, connectivité, phénotype

Cette collection, bien que substantielle pour le domaine, reste limitée comparée aux standards du deep learning classique (ImageNet : 14M images), nécessitant des stratégies d'augmentation de données et de transfer learning depuis des données synthétiques.

1.2.2 Limites des méthodes actuelles

1.2.2.1 Analyse manuelle : l'expertise au prix de l'échelle

L'analyse manuelle par des experts biologistes reste actuellement la référence pour l'évaluation d'organoïdes. Un expert peut, en observant un organoïde au microscope ou via des rendus 3D, identifier des caractéristiques phénotypiques subtiles basées sur :

- La morphologie globale (forme, taille, régularité)
- L'organisation cellulaire (stratification, polarisation)

- La présence de structures spécifiques (lumens, bourgeons, cryptes)
- L'expression spatiale de marqueurs

Cependant, cette approche souffre de limitations majeures qui limitent son utilisation à grande échelle :

Limitations pratiques :

- **Temps d'analyse** : 15-30 minutes par organoïde, rendant impossible l'analyse de milliers d'échantillons
- **Fatigue cognitive** : La qualité d'annotation décroît avec le temps et le nombre d'échantillons
- **Non-automatisable** : Impossibilité d'intégration dans des workflows à haut débit automatisés

Limitations méthodologiques :

- **Subjectivité** : Les critères d'évaluation peuvent varier selon l'expertise et l'expérience de l'annotateur
- **Variabilité inter-observateur** : Des experts différents peuvent aboutir à des classifications divergentes
- **Variabilité intra-observateur** : Un même expert peut classifier différemment le même organoïde à différents moments
- **Biais cognitifs** : Des effets d'ancrage et des biais de confirmation peuvent influencer les jugements

Ces limitations rendent l'analyse manuelle inadaptée aux études à haut débit modernes où des milliers voire dizaines de milliers d'organoides doivent être analysés de manière systématique et reproductible.

1.2.2.2 Réseaux de neurones convolutifs 3D : puissance et limitations

Les réseaux de neurones convolutifs (CNN) ont révolutionné l'analyse d'images 2D en vision par ordinateur et en imagerie biomédicale ([LeCun, Bengio, & Hinton, 2015](#); [Krizhevsky, Sutskever, & Hinton, 2012](#)). Leur extension naturelle aux volumes 3D (CNN 3D) semble appropriée pour l'analyse d'organoides. Cependant, plusieurs limitations majeures freinent leur adoption :

Contraintes computationnelles prohibitives :

- **Empreinte mémoire** : Un CNN 3D sur une image de $2048 \times 2048 \times 200$ voxels requiert des dizaines de gigaoctets de mémoire GPU, nécessitant un downsampling massif qui détruit l'information fine
- **Temps d'entraînement** : Les convolutions 3D sont computationnellement coûteuses ($\mathcal{O}(N^4)$ pour un volume N^3)
- **Nombre de paramètres** : Les CNN 3D profonds contiennent des millions de paramètres, nécessitant de grandes quantités de données annotées pour éviter le sur-apprentissage

Limitations méthodologiques :

- **Perte d'information structurelle** : Les CNN traitent l'organoid comme une grille de voxels, sans modéliser explicitement les cellules individuelles et leurs relations
- **Sensibilité aux variations d'acquisition** : Les CNN sont sensibles aux changements de luminosité, contraste, résolution, nécessitant une standardisation stricte des protocoles d'imagerie

- **Invariances limitées** : Bien que les CNN possèdent une invariance par translation via la convolution, ils ne sont pas naturellement invariants aux rotations 3D ni aux changements d'échelle sans augmentation de données extensive
- **Manque d'interprétabilité** : Les représentations apprises sont opaques, rendant difficile l'identification des caractéristiques biologiques pertinentes

1.2.2.3 Descripteurs manuels et machine learning classique

Une approche alternative consiste à extraire manuellement des descripteurs quantifiant divers aspects des organoïdes, puis à appliquer des algorithmes de machine learning classique (Random Forest, SVM, etc.).

Les descripteurs typiques incluent :

Morphologie globale : Volume, sphéricité, excentricité, surface, compacité

Texture : Matrices de co-occurrence de Haralick (contraste, corrélation, entropie), Local Binary Patterns 3D, moments de Zernike

Intensités : Statistiques d'intensités (moyenne, médiane, écart-type) par canal fluorescent

Distribution spatiale : Gradients radiaux d'intensité, moments d'ordre supérieur

Bien que cette approche soit moins gourmande en données que le deep learning, elle présente des limitations importantes :

Ingénierie manuelle : Le choix et le design des descripteurs nécessitent une expertise domaine importante et sont spécifiques à chaque type d'organoïde

Expressivité limitée : Les descripteurs manuels ne peuvent capturer toute la richesse et la complexité des patterns biologiques

Perte d'information relationnelle : Les relations spatiales entre cellules, cruciales pour comprendre l'organisation tissulaire, sont mal capturées par des statistiques globales

Manque de généralisation : Les descripteurs optimaux pour un type d'organoïde peuvent être inadaptés à un autre

1.2.3 Besoin d'approches structurelles adaptées

Face à ces limitations, il apparaît nécessaire de développer des approches qui exploitent explicitement la structure relationnelle des organoïdes plutôt que de les traiter comme de simples images ou volumes.

1.2.3.1 Vision relationnelle des organoïdes

Les cellules au sein d'un organoïde forment un réseau complexe d'interactions :

Interactions spatiales : Contacts directs, proximité géométrique définissant le voisinage cellulaire

Interactions fonctionnelles : Communication paracrine, signalisation, forces mécaniques

Organisation hiérarchique : Gradients de différenciation, polarisation apico-basale, zonation fonctionnelle

Cette organisation relationnelle, plutôt que les propriétés cellulaires individuelles isolées, détermine largement le comportement collectif de l'organoïde et son phénotype macroscopique. Une analyse pertinente devrait donc modéliser explicitement cette structure de réseau.

1.2.3.2 Représentations par graphes : une abstraction naturelle

Les graphes offrent un formalisme mathématique naturel pour représenter les structures relationnelles. Un organoïde peut être modélisé comme un graphe $G = (V, E)$ où chaque cellule constitue un nœud $v_i \in V$ qui est enrichi de features : position 3D, morphologie, intensités de marqueurs et les arêtes $(v_i, v_j) \in E$ encodent les relations de voisinage spatial.

Cette représentation présente plusieurs avantages majeurs : **Compression drastique** : Passage de gigaoctets (image brute) à mégaoctets (graphe)

Abstraction pertinente : Focus sur la structure relationnelle biologiquement significative

Invariances naturelles : Les graphes sont naturellement invariants aux transformations géométriques (rotations, translations) une fois les features appropriées définies

Flexibilité : Les graphes peuvent représenter des organoïdes de tailles très variables sans redimensionnement artificiel

1.2.3.3 Graph Neural Networks : deep learning sur structures non-euclidiennes

Les Graph Neural Networks (GNNs) (Wu et al., 2021 ; J. Zhou, Cui, et al., 2020 ; Battaglia et al., 2018) constituent l'outil de deep learning adapté aux données structurées sous forme de graphes. En généralisant les opérations de convolution et de pooling aux graphes, les GNNs peuvent :

- Apprendre automatiquement des représentations à partir de données
- Capturer des patterns structurels complexes et multi-échelles
- Exploiter l'information de voisinage local tout en propageant l'information globalement
- Maintenir des propriétés d'invariance et d'équivariance géométriques

L'application de GNNs à l'analyse d'organoïdes représente une opportunité méthodologique prometteuse, encore peu explorée dans la littérature, qui forme le cœur de cette thèse.

1.3 Contributions de la thèse

1.3.1 Contribution 1 : Pipeline automatisé de bout en bout

Cette thèse propose un pipeline complet et automatisé pour l'analyse d'organoïdes 3D :

1. **Acquisition et prétraitement** : Protocoles d'imagerie optimisés, normalisation d'intensité, débruitage
2. **Segmentation cellulaire : Faster Cellpose**
3. **Extraction de features** : propriétés morphologiques pour chaque cellule
4. **Construction de graphes** : Graphes géométriques 3D via K-NN
5. **Classification par GNN** : Comparaisons de différentes architectures GNN

1.3.2 Contribution 2 : Optimisation de la segmentation pour grand débit

Face à la lenteur de Cellpose original (30 sec/coupe, soit près d'1h30 par organoïde), nous avons développé deux approches complémentaires de segmentation rapide.

1.3.2.1 Méthode géométrique par ellipses

Nous avons développé une méthode géométrique de segmentation reposant sur la détection déterministe d'ellipses sur les coupes 2D, suivie par un appariement en 3D à l'aide de processus ponctuels marqués. Cette approche permet de réduire le temps de calcul d'un facteur 10 par rapport à Cellpose, ce qui la rend particulièrement adaptée aux besoins de criblage primaire ultra-rapide.

1.3.2.2 Faster Cellpose via Knowledge Distillation

Pour accélérer significativement la segmentation, nous avons optimisé Cellpose en combinant plusieurs techniques complémentaires. Nous avons d'abord appliqué une distillation de connaissances, permettant de transférer les performances d'un modèle teacher vers un modèle student allégé, doté de moitié moins de paramètres. Ce modèle compact a été ensuite épuré par un "pruning" de 30% de ses poids, ce qui a réduit la complexité du réseau tout en préservant sa précision. Enfin, nous avons affiné le processus d'inférence grâce à l'ajustement de la taille des batchs, l'utilisation du calcul en "mixed precision" et la diminution du nombre d'itérations. L'ensemble de ces optimisations a permis de diviser par cinq le temps de calcul par rapport à Cellpose standard, passant de 2500 heures à 500 heures pour l'analyse de 1500 organoïdes, et rendant ainsi l'expérimentation à grande échelle réalisable.

1.3.3 Contribution 3 : Représentation par graphes géométriques et GNNs

Une contribution majeure de ce travail réside dans la représentation des organoïdes sous forme de graphes géométriques et l'évaluation d'architectures GNN adaptées à cette représentation.

1.3.3.1 Graphes géométriques enrichis

Nous avons choisi de représenter chaque organoïde par un graphe enrichi, dans lequel chaque nœud correspond à une cellule positionnée par ses coordonnées spatiales tridimensionnelles (x, y, z). À ces informations de localisation s'ajoutent des caractéristiques morphologiques pour chaque cellule, telles que le volume, la sphéricité, les axes principaux ou encore la surface. Les liens entre cellules (arêtes du graphe) sont établis sur la base de leur proximité géométrique, à l'aide de méthodes telles que le K-nearest neighbors ou un seuil de rayon défini. Cette modélisation hybride permet de capturer simultanément la géométrie spatiale et les propriétés biologiques des cellules au sein des organoïdes.

1.3.3.2 GNNs équivariants pour données géométriques

Nous exploitons des architectures de Graph Neural Networks équivariantes qui respectent les symétries naturelles :

Invariance par translation : Déplacer l'organoïde dans l'espace ne change pas la prédiction

Invariance par rotation : Orienter l'organoïde différemment ne change pas la prédiction

Invariance par réflexion : Symétries miroir préservées

Ces propriétés d'invariance, garanties par construction architecturale plutôt qu'appries via augmentation de données, assurent la robustesse des prédictions et l'efficacité de l'apprentissage.

1.3.3.3 Avantages de l'approche

Cette approche offre plusieurs bénéfices par rapport aux méthodes existantes :

Efficacité computationnelle : Réduction d'un facteur 1000 de l'empreinte mémoire par rapport aux CNN 3D

Expressivité : Capture explicite de la structure relationnelle

Interprétabilité : Possibilité d'identifier les cellules individuelles importantes pour la prédiction

Flexibilité : Applicable à des organoïdes de tailles et formes variables sans modification

Robustesse : Invariance géométrique intrinsèque

1.3.4 Contribution 4 : Génération de données synthétiques contrôlées

Pour pallier le manque crucial de données annotées, nous proposons une approche innovante de génération de données synthétiques basée sur la théorie des processus ponctuels spatiaux.

1.3.4.1 Processus ponctuels pour simulation réaliste

En simulant différents processus stochastiques de distribution spatiale de points ([Illian, Penttinen, Stoyan, & Stoyan, 2008](#); [Diggle, 2013](#)) sur des géométries sphériques, nous générerons des arrangements cellulaires aux propriétés statistiques contrôlées et connues :

Processus de Poisson homogène : Distribution aléatoire complète, référence de hasard

Processus de Matérn : Clustering contrôlé, représentant l'agrégation cellulaire

1.3.4.2 Construction d'organoïdes synthétiques

À partir des distributions de points obtenues, nous procédons à la construction d'organoïdes synthétiques en deux étapes principales. D'abord, les centroïdes des cellules sont générés selon le processus ponctuel sélectionné, ce qui permet de contrôler précisément la structure spatiale de l'assemblage cellulaire. Ensuite, à partir de ces positions, nous réalisons une partition de la sphère en diagrammes de Voronoï, aboutissant à des segmentations cellulaires aux frontières réalistes, proches de celles observées expérimentalement.

1.3.4.3 Stratégie de pré-entraînement et transfer learning

Les organoïdes synthétiques, avec leurs labels fixés et leur génération illimitée, permettent :

Pré-entraînement : Apprentissage de représentations générales de patterns spatiaux sur données synthétiques abondantes

Fine-tuning : Adaptation à des phénotypes biologiques réels avec un nombre limité d'exemples annotés

Augmentation : Enrichissement du dataset d'entraînement pour améliorer la robustesse

Exploration : Génération de scénarios rares ou extrêmes difficiles à obtenir expérimentalement

Cette approche de transfer learning ([Pan & Yang, 2010](#); [Weiss, Khoshgoftaar, & Wang, 2016](#)) du synthétique au réel constitue une contribution méthodologique originale, permettant d'entraîner des modèles performants malgré la rareté des données réelles annotées.

1.3.5 Contribution 5 : Étude comparative statistiques spatiales vs GNN

Pour évaluer rigoureusement les mérites relatifs des approches GNN vis-à-vis des approches statistiques classiques, nous avons mené une étude comparative contrôlée (publication au GRETSI 2025) :

Méthode : Comparaison sur données synthétiques sphériques avec vérité terrain connue, avec variation de bruit gaussien et poivre-et-sel.

Résultats clés :

- Sur les géométries régulières (sphériques) : les statistiques spatiales (K, F, G de Ripley) surpassent les GNN
- Sur les géométries complexes/variables (ellipsoïdes) : les GNN généralisent mieux que les statistiques spatiales
- Profondeur optimale des GNN : 5-6 couches (trade-off expressivité/overfitting)

Cette étude éclaire les conditions d'applicabilité de chaque approche et suggère des directions hybrides futures.

1.3.6 Contribution 6 : État de l'art des GNN géométriques

Cette thèse propose une synthèse exhaustive et structurée des Graph Neural Networks géométriques, développée au **Chapitre 3**.

1.3.6.1 Couverture théorique

Nous formalisons rigoureusement les fondements mathématiques des GNN géométriques :

Groupes de symétries : $E(n)$ (euclidien), $SE(3)$ (euclidien spécial), $O(3)$ (orthogonal)

Invariance vs équivariance : Définitions formelles et conditions d'applicabilité

Garanties théoriques : Propriétés d'équivariance par construction

1.3.6.2 Panorama des architectures

La revue couvre les architectures majeures de complexité croissante :

EGNN : Messages invariants avec mise à jour équivariante des coordonnées

SchNet, DimeNet : Utilisation d'angles et de triplets

PaiNN, NequIP : Représentations vectorielles/tensorielles équivariantes

1.3.6.3 Contributions méthodologiques

Cette synthèse apporte une **taxonomie unifiée** selon trois axes (équivariance, représentation, information géométrique), des **design patterns récurrents** pour construire des GNN équivariants, un **guide de sélection** pour choisir l'architecture adaptée à chaque problème géométrique, et un **positionnement** justifiant le choix d'architecture pour les organoïdes.

1.4 Organisation du manuscrit

Ce manuscrit est organisé en six chapitres principaux complétés par cinq annexes techniques, suivant une progression logique du contexte aux contributions.

1.4.1 Chapitre 2 : État de l'art

Le **Chapitre 2** présente un état de l'art exhaustif structuré en quatre volets complémentaires. Nous y examinons d'abord la biologie des organoïdes, en détaillant leurs différents types, les mécanismes de formation et leurs applications biomédicales. Nous abordons ensuite les techniques d'imagerie 3D, en présentant les modalités d'acquisition disponibles, les défis techniques rencontrés et les contraintes computationnelles associées. Le chapitre propose également une revue critique des méthodes d'analyse existantes, qu'il s'agisse d'approches manuelles, de méthodes par vision par ordinateur, ou de techniques d'apprentissage automatique. Enfin, nous identifions les lacunes des approches actuelles et positionnons nos propres contributions dans ce paysage scientifique. Ce chapitre établit ainsi le contexte scientifique et justifie la nécessité de notre approche.

1.4.2 Chapitre 3 : Fondements théoriques

Le **Chapitre 3** établit les fondements mathématiques et algorithmiques des Graph Neural Networks. Nous y présentons d'abord la théorie des graphes, incluant les définitions fondamentales, les représentations matricielles, les graphes géométriques et les métriques topologiques. Nous introduisons ensuite les Graph Neural Networks en détaillant le paradigme du message passing et les architectures standards telles que GCN, GAT, GraphSAGE et GIN. Le chapitre explore également les extensions géométriques de ces réseaux, notamment les GNNs E(3)-équivariants comme EGNN, en distinguant les notions d'invariance et d'équivariance et en présentant leurs applications biologiques.

1.4.3 Chapitre 4 : Méthodologie

Le **Chapitre 4** décrit en détail la méthodologie proposée dans cette thèse. Nous commençons par présenter l'architecture générale de notre approche, en justifiant nos choix de conception. Le chapitre aborde ensuite les protocoles de prétraitement, incluant les méthodes d'imagerie, les techniques de normalisation et la correction d'artefacts. Nous détaillons nos deux contributions méthodologiques pour la segmentation optimisée, avant d'expliquer la construction de graphes géométriques 3D via l'algorithme K-NN. Le chapitre présente également notre approche de génération synthétique basée sur les processus ponctuels et les diagrammes de Voronoï, ainsi que les méthodes de validation employées. Enfin, nous comparons différentes architectures GNN adaptées à notre problématique. Ce chapitre constitue le cœur technique de la thèse, détaillant nos contributions algorithmiques.

1.4.4 Chapitre 5 : Résultats

Le **Chapitre 5** présente les résultats expérimentaux obtenus au cours de cette thèse. Nous commençons par une étude comparative entre approches statistiques spatiales et GNN, dont les résultats ont été publiés au GRETSI 2025, démontrant la robustesse au bruit et la capacité de généralisation géométrique des GNN. Nous évaluons ensuite les performances des différentes architectures GNN (GAT, DeepSets, EGNN, GCN) sur les données synthétiques, en réalisant des analyses d'ablation pour identifier les composants essentiels et caractériser les trade-offs entre performance brute et robustesse géométrique. Nous reportons ensuite les performances obtenues sur les données réelles (500 organoïdes bien différenciés sélectionnés) via transfer learning et fine-

tuning. Une discussion critique analysant les forces, les limitations et le positionnement de notre approche conclut ce chapitre.

1.4.5 Chapitre 6 : Conclusion

Le **Chapitre 6** conclut le manuscrit en synthétisant les contributions scientifiques et méthodologiques apportées par ce travail. Nous y discutons les limitations et défis persistants de notre approche, avant de proposer des perspectives à court terme incluant des extensions méthodologiques et des validations cliniques. Le chapitre esquisse également des directions de recherche à long terme, notamment l’analyse spatio-temporelle, le développement de modèles génératifs et l’intégration multi-modale de données hétérogènes. Enfin, nous évaluons l’impact scientifique et sociétal potentiel de nos contributions pour la communauté de la biologie des organoïdes et de la médecine personnalisée.

CHAPITRE 2

État de l'art : Organoïdes, Images et Graphes

2.1 Organoïdes : biologie et applications

2.1.1 Définitions et types d'organoïdes

Les organoïdes sont des structures tridimensionnelles auto-organisées cultivées *in vitro* à partir de cellules souches ou de tissus primaires. Selon la définition de Lancaster et Knoblich ([Lancaster & Knoblich, 2014](#)), un organoïde doit satisfaire plusieurs critères : contenir plusieurs types cellulaires de l'organe qu'il représente, présenter une organisation spatiale similaire à celle de l'organe natif, et récapituler au moins certaines fonctions de l'organe.

2.1.1.1 Classification par origine cellulaire

Les organoïdes peuvent être classés selon l'origine des cellules utilisées pour leur génération. Les organoïdes dérivés de cellules souches pluripotentes (PSC, pour “pluripotent stem cells”) sont produits à partir de cellules souches embryonnaires (ESC) ou de cellules souches pluripotentes induites (iPSC). Leur mise en culture requiert des protocoles de différenciation dirigée, souvent complexes, afin de reproduire les étapes du développement embryonnaire. Cette approche permet d'obtenir des organoïdes de tissus habituellement inaccessibles comme le cerveau ou la rétine. Elle offre l'avantage d'une source illimitée de matériel et autorise des manipulations génétiques aisées, mais elle est contrebalancée par l'immaturité fonctionnelle fréquente des organoïdes ainsi produits, ainsi que par la durée des protocoles, qui s'étendent souvent sur plusieurs semaines.

Les organoïdes issus de cellules souches adultes (ASC, pour “adult stem cells”) sont générés à partir de cellules souches résidentes dans des tissus adultes, comme les cryptes intestinales ou les glandes gastriques. Leur croissance se fait typiquement dans une matrice extracellulaire telle que le Matrigel, enrichie en facteurs de croissance adaptés au tissu d'origine. Ces organoïdes conservent généralement une identité tissulaire fidèle et présentent une maturation fonctionnelle supérieure à celle des PSC-derived. De plus, les protocoles de culture sont souvent plus simples et rapides. Cependant, cette méthode reste limitée par l'accès parfois difficile à certains tissus et par une capacité d'expansion qui varie selon le type cellulaire.

Enfin, on distingue une catégorie particulière d'organoïdes, les PDO (“patient-derived organoids”), issus directement de biopsies de patients. Ceux-ci constituent en réalité une sous-catégorie

des organoïdes ASC-derived. Ils préservent les profils génétiques et épigénétiques propres au patient, ce qui les rend particulièrement précieux pour des applications en oncologie personnalisée (notamment les tumoroïdes). La constitution de biobanques d’organoïdes de patients permet ainsi de représenter la diversité des pathologies et d’ouvrir la voie à des études fonctionnelles individuelles.

2.1.1.2 Classification par type d’organe

Différents types d’organoïdes ont été développés avec succès :

Organoïdes intestinaux : Premier système organoïde développé ([Sato et al., 2009](#)), ils reproduisent l’architecture des villosités intestinales avec cryptes et cellules différenciées (entérocytes, cellules de Paneth, cellules entéroendocrines, cellules caliciformes). Utilisés pour étudier l’homéostasie intestinale, les maladies inflammatoires, les infections (SARS-CoV-2 ([J. Zhou, Li, et al., 2020](#))), les pathologies génétiques (mucoviscidose ([Dekkers et al., 2013](#))), et pour le criblage de drogues.

Organoïdes cérébraux : Structures complexes mimant le développement cérébral précoce ([Lancaster et al., 2013](#)), contenant différentes régions cérébrales (cortex, hippocampe, plexus choroïde). Applications en neurobiologie du développement, modélisation de maladies neurologiques (microcéphalie, autisme, schizophrénie), et étude de l’impact de pathogènes (virus Zika).

Organoïdes hépatiques : Reproduisent l’architecture lobulaire du foie avec hépatocytes fonctionnels ([Huch et al., 2015](#)). Applications en toxicologie (prédition d’hépatotoxicité), métabolisme de drogues, modélisation d’hépatites virales et de maladies métaboliques.

Organoïdes rénaux : Contiennent des structures néphroniques avec tubules et podocytes ([Takasato et al., 2015](#)). Utilisés pour modéliser les maladies rénales génétiques et acquises, tester la néphrotoxicité de composés.

Organoïdes pulmonaires : Modèles des voies aériennes et des alvéoles ([Sachs et al., 2019](#)). Applications pour les infections respiratoires, la mucoviscidose, et le cancer du poumon.

Autres organoïdes : Pancréas ([Boj et al., 2015](#)), rétine ([Lin et al., 2020](#)), estomac ([Bartfeld et al., 2015](#)), prostate, glandes salivaires, sein ([Sachs et al., 2018](#)), etc. La diversité croissante reflète l’universalité de l’approche.

Les organoïdes étudiés dans cette thèse sont des organoïdes de prostate.

2.1.2 Mécanismes de formation et auto-organisation

2.1.2.1 Principes d’auto-organisation cellulaire

La formation d’organoïdes repose sur les capacités intrinsèques d’auto-organisation cellulaire, gouvernées par plusieurs principes fondamentaux :

Signalisation morphogénétique : Les cellules répondent à des gradients de molécules signal (Wnt, BMP, FGF, Notch) qui guident leur différenciation et leur positionnement spatial. En fournissant exogènement ces facteurs dans des combinaisons appropriées, on peut diriger le développement vers des destins cellulaires spécifiques.

Interactions cellule-cellule : Les jonctions adhérentes (cadhérines), jonctions serrées, et gap junctions permettent aux cellules de communiquer, de s’organiser en épithéliums polarisés, et de coordonner leur comportement collectif.

Interactions cellule-matrice : La matrice extracellulaire (ECM), fournie exogènement sous forme de Matrigel ou de matrices synthétiques, fournit un support structural et des signaux biochimiques (intégrines) régulant la forme, la migration et la différenciation cellulaires.

Forces mécaniques : Les tensions cytosquelettiques, les pressions osmotiques, et les forces contractiles contribuent à façonner l'architecture tridimensionnelle. La formation de lumens résulte notamment de l'apoptose centrale et de la polarisation cellulaire.

2.1.2.2 Étapes de développement d'un organoïde

Le développement typique d'un organoïde intestinal illustre ces principes :

1. **Agrégation initiale** (Jour 0-2) : Les cellules s'agrègent en sphéroïdes compacts dans le Matrigel
2. **Polarisation** (Jour 2-4) : Les cellules développent une polarité apico-basale, avec migration des noyaux
3. **Formation du lumen** (Jour 4-6) : Apoptose des cellules centrales créant une cavité interne
4. **Bourgeonnement** (Jour 6-10) : Formation de bourgeons cryptiques par prolifération asymétrique
5. **Défferenciation** (Jour 10+) : Émergence de lignages différenciés (cellules absorbantes, sécrétoires)
6. **Maturation** (Semaines) : Complexification de l'architecture, maturation fonctionnelle

Cette séquence développementale, reminiscente de l'embryogenèse, se produit de manière largement autonome une fois les conditions initiales établies.

2.1.3 Applications en recherche et en médecine

2.1.3.1 Recherche fondamentale

Développement et morphogenèse : Les organoïdes permettent d'étudier *in vitro* les mécanismes de formation des organes, précédemment accessibles uniquement via embryologie. Des questions fondamentales sur la régulation génétique, l'auto-organisation, l'émergence de la complexité peuvent être abordées avec manipulations génétiques et imagerie en temps réel.

Biologie des cellules souches : La niche des cellules souches, leur maintenance, leur différenciation, et leur réponse aux signaux peuvent être étudiées dans un contexte tissulaire 3D physiologique.

Interactions hôte-pathogène : Les organoïdes fournissent des modèles d'infection plus réalistes que les monocultures 2D. L'infection par virus (rotavirus, norovirus, SARS-CoV-2), bactéries (*Helicobacter*, *Salmonella*), ou parasites peut être étudiée avec imagerie en temps réel et analyses fonctionnelles.

2.1.3.2 Ciblage pharmacologique et drug discovery

Découverte de médicaments : Les organoïdes offrent un système intermédiaire entre les cellules 2D (trop simplistes) et les modèles animaux (coûteux, lents, éthiquement problématiques) pour tester l'efficacité de composés. Des plateformes robotisées permettent le ciblage de bibliothèques de milliers de molécules.

Tests de toxicité : Les organoïdes hépatiques et rénaux sont utilisés pour prédire l'hépatotoxicité et la néphrotoxicité de composés en développement, réduisant les échecs tardifs en phases cliniques.

Repositionnement de médicaments : Tester systématiquement des drogues approuvées sur de nouveaux modèles de maladies pour identifier de nouvelles indications thérapeutiques.

2.1.3.3 Médecine personnalisée et applications cliniques

Prédiction de réponse thérapeutique : Les organoïdes tumoraux dérivés de patients peuvent être testés contre un panel de chimiothérapies, thérapies ciblées, ou immunothérapies pour prédire *ex vivo* la sensibilité du patient et guider le choix thérapeutique. Plusieurs études pilotes ont démontré une concordance significative entre réponse des organoïdes et réponse clinique des patients.

Diagnostic et pronostic : Au-delà du traitement, les organoïdes peuvent servir d'outils diagnostiques. La capacité d'expansion d'organoïdes à partir d'une biopsie peut être pronostique. Les profils moléculaires d'organoïdes peuvent compléter les analyses anatomopathologiques traditionnelles.

Biobanques d'organoïdes : Des biobanques nationales et internationales d'organoïdes (Hubrecht Organoid Technology, Human Cancer Models Initiative) sont constituées pour capturer la diversité génétique et phénotypique des pathologies humaines (Drost & Clevers, 2018), servant de ressources partagées pour la communauté scientifique.

2.1.3.4 Médecine régénérative : promesses futures

L'application des organoïdes à la transplantation et à la réparation tissulaire, bien qu'en cours d'expérimentation, connaît des avancées notables. Par exemple, des essais précliniques explorent l'utilisation d'organoïdes de rétine dans le but de restaurer la vision. D'autres travaux portent sur les organoïdes de foie, évalués comme support fonctionnel temporaire chez des patients en insuffisance hépatique, ainsi que sur les organoïdes de peau, qui pourraient offrir une solution innovante pour les greffes dans le cas de brûlures étendues. Néanmoins, plusieurs défis majeurs demeurent à surmonter afin de rendre ces approches cliniquement viables, notamment la vascularisation des organoïdes – essentielle pour les structures de diamètre supérieur à un millimètre afin d'assurer un apport sanguin adéquat –, leur innervation, ainsi que leur intégration fonctionnelle et immunologique avec l'organisme hôte.

2.2 Analyse d'images biomédicales 3D

2.2.1 Modalités d'imagerie pour organoïdes

2.2.1.1 Microscopie confocale

La microscopie confocale à balayage laser (CLSM) constitue la méthode de référence pour l'imagerie des organoïdes (Litjens et al., 2017). Son principe repose sur l'excitation point par point de la fluorescence par un faisceau laser focalisé. Un trou d'épingles (*pinhole*) placé devant le détecteur permet de rejeter la lumière provenant des plans hors foyer, ce qui aboutit à une image optiquement sectionnée. En balayant le faisceau à travers l'échantillon et en déplaçant le plan

focal selon l'axe Z, il est ainsi possible de collecter des séries d'images (stacks) permettant de reconstruire le volume 3D de l'échantillon.

La CLSM présente plusieurs atouts majeurs : elle offre une résolution latérale élevée (200 à 300 nm) et une résolution axiale de l'ordre de 500 à 800 nm, un rejet efficace de la lumière hors-foyer, ainsi que la possibilité de réaliser des acquisitions multicanales sur plusieurs fluorophores (jusqu'à 4 à 6 simultanément). De plus, cette technique est largement disponible dans les laboratoires de biologie.

En revanche, la microscopie confocale possède plusieurs limitations. L'acquisition d'un volume 3D est relativement lente et nécessite souvent plusieurs minutes par organoïde. La répétition des scans expose les échantillons à un risque important de photoblanchiment, et la phototoxicité reste un obstacle pour l'imagerie prolongée sur échantillon vivant. Enfin, la profondeur de pénétration de l'excitation est restreinte, particulièrement dans les tissus denses, et dépasse rarement 100 à 150 m.

2.2.1.2 Microscopie light-sheet (LSFM)

La microscopie à feuillet de lumière (LSFM, pour Light-Sheet Fluorescence Microscopy) consiste à illuminer l'échantillon par le côté à l'aide d'un fin plan lumineux, tandis que la détection de la fluorescence s'effectue dans un axe perpendiculaire à celui de l'illumination ([Huisken, Swoger, Del Bene, Wittbrodt, & Stelzer, 2004](#)). Cette disposition permet d'acquérir rapidement des images volumétriques tout en minimisant l'exposition globale de l'échantillon à la lumière. Grâce à ce principe, la LSFM atteint des vitesses d'acquisition très élevées, pouvant capturer plusieurs images par seconde, tout en limitant considérablement le photoblanchiment et la phototoxicité. Après une étape de clarification optique, elle permet aussi d'imager en profondeur des échantillons épais tels que les organoïdes, ce qui la rend particulièrement adaptée pour des expériences de type time-lapse sur de longues durées ou pour la visualisation de volumes importants, de l'ordre de plusieurs millimètres cubes.

Cependant, la mise en œuvre de la microscopie à feuillet de lumière requiert des équipements spécialisés qui restent encore relativement peu répandus dans les laboratoires de biologie. De plus, l'imagerie de tissus denses nécessite souvent une étape préalable de clarification optique, afin de garantir une pénétration adéquate de la lumière. Enfin, si la LSFM permet de couvrir de larges volumes, sa résolution demeure légèrement inférieure à celle offerte par la microscopie confocale classique.

2.2.1.3 Microscopie multiphoton

La microscopie multiphoton repose sur l'utilisation d'impulsions laser infrarouges de forte intensité permettant d'exciter les fluorophores grâce à l'absorption simultanée de deux photons. Cette technique présente plusieurs atouts majeurs : la longueur d'onde infrarouge utilisée permet une pénétration plus profonde dans les tissus, jusqu'à environ 1 mm, ce qui est particulièrement avantageux pour l'imagerie d'échantillons épais. Par ailleurs, l'excitation étant confinée au seul point focal, le photoblanchiment des fluorophores est considérablement réduit dans les zones hors focus, limitant ainsi les effets secondaires indésirables sur l'échantillon. La microscopie multiphoton rend également possible l'imagerie *in vivo*, une caractéristique précieuse pour l'étude d'échantillons vivants.

Cependant, cette modalité comporte aussi des limitations importantes. Tout d'abord, l'équipement nécessaire est onéreux, les lasers femtoseconde Ti :Saphire étant particulièrement coûteux à acquérir et à entretenir. L'acquisition des images s'avère également plus lente comparée à une microscopie confocale classique, ce qui peut représenter un frein pour des expériences à haut débit. Enfin, il est nécessaire d'utiliser des fluorophores spécifiquement adaptés à l'excitation multiphoton, ce qui peut restreindre le choix des marqueurs disponibles.

2.2.2 Défis spécifiques de l'imagerie d'organoïdes

2.2.2.1 Résolution, bruit et artefacts

Diffusion de la lumière : Dans les tissus biologiques, la diffusion (scattering) de la lumière dégrade la résolution et le contraste avec la profondeur. Les structures périphériques sont mieux résolues que le cœur de l'organoïde.

Hétérogénéité d'illumination : L'atténuation de la lumière crée des gradients d'intensité non-uniformes, compliquant la segmentation automatique. Les cellules profondes apparaissent plus sombres que les cellules superficielles.

Aberrations optiques : Les différences d'indice de réfraction entre milieu de montage, Matrigel et tissu créent des aberrations sphériques et chromatiques dégradant la qualité d'image.

Bruit photonique : À faibles niveaux de lumière (imagerie live pour réduire la phototoxicité), le bruit de Poisson des photons devient significatif, dégradant le rapport signal/bruit.

2.2.2.2 Variabilité inter-acquisitions

Les conditions d'imagerie présentent une grande variabilité d'une expérience à l'autre. Parmi les sources majeures de variation, on compte la puissance du laser, le gain appliqué au détecteur ou encore le temps d'exposition, qui peuvent fluctuer selon la configuration de l'appareillage et les réglages opérateurs. Les performances optiques elles-mêmes évoluent dans le temps avec l'alignement régulier requis des composants et le vieillissement des lasers, pouvant affecter la qualité des acquisitions. L'orientation de l'échantillon représente aussi un facteur non négligeable, d'autant plus que les organoïdes non fixés peuvent se déplacer lors de la manipulation ou au cours de l'imagerie. Enfin, les protocoles de marquage présentent une efficacité variable en fonction de la pénétration des anticorps, et le phénomène de photoblanchiment n'affecte pas toujours l'ensemble du volume de manière homogène. L'ensemble de ces variations complexifie le développement de méthodes d'analyse robustes et universellement applicables, à moins de recourir à des stratégies de normalisation adaptées et performantes.

2.2.3 Contraintes computationnelles

2.2.3.1 Volumes de données

Un organoïde imagé en haute résolution (objectif 40 \times , voxel 0.3×0.3×1 m) génère typiquement 2048×2048×200 voxels, soit 2 Go par organoïde.

Par exemple, pour une étude de criblage pharmacologique testant 100 composés × 10 concentrations × 5 répliquats × 3 temps = 15,000 organoïdes, le volume total atteint 30-60 To.

2.2.3.2 Défis de traitement

Le traitement de ces volumes pose plusieurs défis :

Mémoire : Charger une image complète en mémoire peut dépasser la RAM disponible (64-128 Go typiques)

Temps de calcul : L’analyse naïve voxel-par-voxel est prohibitivement lente

Parallélisation : Nécessité de stratégies de traitement par blocs (tiling) ou de streaming

Stockage : Coûts de stockage et de backup importants, nécessité de compression

Ces contraintes motivent le développement de représentations compactes et efficaces, comme les graphes cellulaires proposés dans cette thèse.

2.3 Méthodes d’analyse existantes

2.3.1 Analyse manuelle : référence mais non scalable

2.3.1.1 Protocoles d’analyse experte

L’analyse manuelle se déroule généralement selon plusieurs étapes complémentaires. L’observateur commence par explorer l’organoïde dans sa globalité à l’aide de dispositifs de visualisation 3D, tels que les rendus volumiques ou les projections en intensité maximale, afin d’appréhender l’architecture générale de l’échantillon. Il procède ensuite à une évaluation qualitative de la morphologie globale, repérant d’éventuelles anomalies ou caractéristiques saillantes. L’étude se poursuit par une inspection attentive de différentes sections 2D extraites à diverses profondeurs, ce qui permet de mieux caractériser l’organisation interne. La quantification des marqueurs d’intérêt, comme le comptage des cellules positives à un signal fluorescent donné, s’effectue de façon semi-manuelle via des logiciels spécialisés. Enfin, l’organoïde est classé d’après des critères pré-définis ou bien positionné sur une échelle ordinaire, selon le protocole établi pour l’étude.

2.3.1.2 Coûts et contraintes pratiques

Coûts temporels : Pour une analyse détaillée comptant 15-30 min par organoïde, cela représente 250-500 heures, soit 1-2 mois de travail temps plein.

Coûts financiers : À 50€/heure de travail d’un expert, l’analyse de 1000 organoïdes coûte 12,500-25,000€, motivant l’automatisation.

2.3.2 Segmentation cellulaire : état de l’art

La segmentation automatique des cellules constitue une étape critique précédant toute analyse quantitative. Plusieurs approches ont été développées.

2.3.2.1 Méthodes classiques de segmentation

Seuillage et détection de blobs : Les approches les plus simples appliquent un seuil global ou adaptatif sur le canal nucléaire (DAPI), puis détectent les régions connectées. Limitations : fusion de noyaux proches, sensibilité au choix de seuil.

Watershed : L’algorithme de watershed traite l’image comme une surface topographique où les intensités représentent l’altitude. Les minima locaux sont inondés progressivement jusqu’à ce que les bassins versants se rencontrent, définissant les frontières de segmentation. Problème

majeur : sur-segmentation nécessitant un post-traitement (détection de seeds, marker-controlled watershed).

Active contours et level sets : Des contours évoluent sous l'influence de forces internes (régularité) et externes (gradients d'intensité) pour épouser les frontières cellulaires. Méthodes élégantes mais lentes en 3D et sensibles à l'initialisation.

2.3.2.2 Approches par deep learning

U-Net et variantes : L'architecture U-Net ([Ronneberger, Fischer, & Brox, 2015](#)), introduite pour segmentation biomédicale 2D, a été étendue en 3D ([Çiçek, Abdulkadir, Lienkamp, Brox, & Ronneberger, 2016](#)). L'architecture encoder-decoder avec skip connections permet la segmentation séquentielle dense. Cependant, elle nécessite des annotations pixel-level coûteuses, ainsi qu'une empreinte mémoire importante en 3D.

Mask R-CNN et détection d'instances : Détection et segmentation simultanées d'instances d'objets. Cette approche est applicable aux noyaux cellulaires mais présente des difficultés pour gérer les chevauchements en 3D.

StarDist : Une approche innovante représentant chaque cellule par son centroïde et un champ de distances radiales (star-convex polygons) ([Schmidt, Weigert, Broaddus, & Myers, 2018](#)), très performante pour les noyaux de forme convexe. Une implémentation 2D et 3D est disponible. Cependant, elle ne gère pas bien les formes non-convexes.

Cellpose : État de l'art actuel ([Stringer, Wang, Michaelos, & Pachitariu, 2021](#)), basé sur la prédiction de champs de gradients où chaque pixel/voxel "pointe" vers le centre de sa cellule. Le suivi de ces gradients permet de regrouper les pixels en cellules. Cette méthode présente plusieurs avantages majeurs qui en font un outil de référence. Elle se montre robuste aux variations de taille cellulaire et gère efficacement les morphologies irrégulières ainsi que les cellules denses. La version 3D est particulièrement efficace pour le traitement de volumes complets. De plus, Cellpose propose des modèles pré-entraînés généralistes offrant d'excellentes performances, avec la possibilité de réaliser un fine-tuning sur des données spécifiques pour améliorer encore les résultats sur des types cellulaires particuliers.

Cellpose représente actuellement le meilleur compromis précision/généralisation pour la segmentation de noyaux et de cellules en 3D.

2.3.2.3 Bilan des méthodes de segmentation existantes

L'état de l'art montre un trade-off fondamental entre précision et vitesse. Pour une précision maximale, Cellpose offre d'excellentes performances mais nécessite environ 30 secondes par coupe, ce qui le rend lent pour le criblage à haut débit. StarDist offre un compromis intéressant avec une précision moindre mais un temps de calcul de seulement 5 secondes par coupe. À l'opposé du spectre, les méthodes privilégiant la rapidité incluent le watershed, qui est rapide mais imprécis, et le seuillage simple, très rapide mais inadapté aux configurations où les cellules sont collées les unes aux autres.

Pour l'analyse de milliers d'organoïdes nécessaire à notre étude, Cellpose standard (30 sec-/coupe × 200 coupes/organoïde × 1500 organoïdes = 2500 heures 104 jours) est prohibitivement lent.

Cette limitation motive le développement de méthodes de segmentation optimisées, présentées au Chapitre 4 comme contributions méthodologiques de la thèse.

2.3.2.4 Évaluation et benchmarking

Les méthodes de segmentation sont typiquement évaluées via :

Métriques pixel-level : Dice coefficient, Intersection over Union (IoU)

Métriques objet-level : Précision, rappel, F1-score sur détection d'instances

Average Precision (AP) : Métrique standard des défis de segmentation (issu de détection d'objets)

Segmentation Covering : Mesure de recouvrement entre segmentation prédictive et vérité terrain

Les compétitions internationales (Cell Tracking Challenge ([Ulman, Maška, Magnusson, et al., 2017](#)), Data Science Bowl ([Caicedo et al., 2019](#))) ont poussé l'état de l'art avec des datasets de référence annotés.

2.3.3 Approches par vision par ordinateur classique

2.3.3.1 Descripteurs de texture

Les organoïdes se distinguent par des textures spécifiques, telles que des profils d'intensité et des arrangements spatiaux particuliers, qui peuvent être quantifiés à l'aide de différents types de descripteurs.

Parmi les descripteurs de texture classiques en vision par ordinateur, on retrouve notamment les matrices de co-occurrence de Haralick, les Local Binary Patterns (LBP) et les filtres de Gabor ([Haralick, Shanmugam, & Dinstein, 1973](#); [Ojala, Pietikäinen, & Mäenpää, 2002](#); [Fogel & Sagi, 1989](#)). Les matrices de Haralick consistent à analyser la fréquence des paires de niveaux de gris à une distance et une orientation données dans l'image, ce qui permet d'extraire des attributs tels que le contraste, la corrélation, l'énergie, l'homogénéité ou l'entropie. Bien qu'une extension tridimensionnelle soit possible et parfois appliquée aux volumes d'organoides, elle reste coûteuse en temps de calcul, et ces descripteurs tendent à perdre l'information spatiale globale tout en restant assez génériques.

Les Local Binary Patterns offrent une approche complémentaire en codant, pour chaque pixel, les relations d'intensité entre celui-ci et ses voisins immédiats. Cette description locale, étendue en 3D, permet de capturer les micro-textures fréquentes dans certaines images biologiques. Les LBP sont appréciés pour leur invariance aux variations d'illumination, mais demeurent sensibles au bruit.

Les filtres de Gabor, enfin, sont utilisés pour détecter des structures directionnelles et des motifs texturés grâce à des convolutions avec des noyaux paramétrés en fréquence et en orientation. Appliqués en 2D ou en 3D, ils sont particulièrement adaptés à la caractérisation de textures périodiques et de patrons directionnels, au prix toutefois d'une charge computationnelle significative lorsque l'on considère des banques de filtres tridimensionnelles ([Fogel & Sagi, 1989](#)).

2.3.3.2 Descripteurs géométriques et morphologiques

Moments géométriques : Moments d'ordre 0 (volume), 1 (centroïde), 2 (matrice d'inerie, axes principaux), 3+ (asymétrie, kurtosis). Les moments de Hu invariants par transformation peuvent caractériser la forme.

Descripteurs de forme :

- Sphéricité : $\Psi = \frac{\pi^{1/3}(6V)^{2/3}}{S}$ où V est le volume et S la surface
- Excentricité : Rapport des axes principaux

- Compacité, convexité, solidité
- Descripteurs de Fourier de la surface

Analyse de distribution spatiale : Gradients radiaux d'intensité (du centre vers périphérie), profils d'intensité le long d'axes, moments spatiaux d'ordre supérieur.

2.3.3.3 Machine learning classique sur descripteurs

Une fois les features extraites, des algorithmes de ML classique sont appliqués :

Random Forest : Ensembles d'arbres de décision, robustes, gèrent bien les features hétérogènes et les non-linéarités. Fournissent des importances de features pour interprétabilité.

Support Vector Machines (SVM) : Avec noyaux non-linéaires (RBF), performants pour classification avec données limitées. Sensibles au scaling des features.

Gradient Boosting (XGBoost, LightGBM) : État de l'art pour données tabulaires, souvent supérieurs aux Random Forest, mais ils nécessitent le tuning d'hyperparamètres.

Limitations principales : Ces approches souffrent cependant de plusieurs limitations importantes. Le plafond de performance est limité par l'expressivité des features extraites, et la conception de ces descripteurs nécessite une expertise domaine approfondie pour le feature engineering. De plus, ces méthodes entraînent une perte d'information relationnelle, car les relations spatiales entre les cellules ne sont pas capturées par des statistiques globales. Enfin, elles offrent peu de généralisation à d'autres types d'organoïdes, chaque type nécessitant souvent un ensemble de features spécifiques.

2.3.4 Approches récentes spécifiques aux organoïdes

Plusieurs travaux récents ont abordé spécifiquement l'analyse automatisée d'organoïdes par apprentissage profond.

2.3.4.1 Outils de deep learning pour organoïdes

Park et al. ([Park et al., 2023](#)) ont développé un outil de traitement d'images basé sur le deep learning pour une analyse améliorée d'organoïdes, démontrant l'utilité de l'apprentissage profond pour la quantification automatisée. De même, Haja et al. ([Haja, Horcas-Nieto, Bakker, & Schomaker, 2023](#)) ont proposé une approche de deep learning pour localiser et quantifier automatiquement les organoïdes dans des images, adressant le problème de passage à l'échelle.

Pour les organoïdes rénaux spécifiquement, Wilson et al. ([Wilson et al., 2022](#)) ont développé DevKidCC, un outil permettant une classification robuste et des comparaisons directes entre différents datasets d'organoïdes de rein, illustrant l'importance de la standardisation pour la reproductibilité.

Au-delà des approches purement basées sur l'apprentissage, Laussu et al. ([Laussu et al., 2024](#)) ont proposé un modèle d'éléments finis centré sur les cellules pour l'analyse de la forme d'organoïdes intestinaux, reliant architecture tissulaire et mécanique, démontrant la complémentarité entre approches physiques et computationnelles.

Ces travaux pionniers, bien que prometteurs, présentent des limitations : ils sont souvent spécifiques à un type d'organoïde, n'exploitent pas pleinement la structure relationnelle 3D, ou nécessitent des annotations manuelles importantes. Notre approche vise à adresser ces limitations via des représentations par graphes et du transfer learning.

2.3.5 Deep learning pour les images biomédicales

2.3.5.1 CNN 2D : approches par slices

Max/Mean intensity projections : Une approche courante consiste à projeter le volume 3D en une image 2D en calculant, par exemple, la valeur maximale (maximum intensity projection) ou la moyenne (mean intensity projection) le long de l'axe Z, avant d'appliquer un réseau de neurones convolutifs 2D classique, comme ResNet ou EfficientNet. Cette méthode présente l'avantage d'être peu coûteuse en ressources de calcul, mais elle s'accompagne d'une perte importante d'information tridimensionnelle, car la structure 3D complexe n'est plus accessible à l'analyse.

Multi-slice analysis : Une approche dite "multi-slice" consiste à extraire plusieurs coupes bidimensionnelles à différentes profondeurs du volume, puis à appliquer un classifieur à chacune de ces images individuelles. Les résultats obtenus pour chaque coupe sont ensuite agrégés, typiquement par un vote majoritaire ou une moyenne des scores de prédiction, afin d'obtenir une décision globale sur le volume analysé. Cette méthode permet de récupérer plus d'informations que les simples projections 2D puisqu'elle exploite la diversité des plans à travers l'organoïde, mais elle ne prend pas réellement en compte la continuité spatiale et les relations entre coupes, la cohérence tridimensionnelle n'étant donc pas modélisée.

Approches 2.5D : Une approche dite «2.5D» consiste à empiler trois coupes adjacentes d'un volume pour former une image pseudo-RGB, qui peut alors être traitée par un réseau de neurones convolutifs 2D standard. Cette méthode permet de capturer une partie de l'information tridimensionnelle tout en conservant l'efficacité computationnelle des architectures 2D, constituant ainsi un compromis entre richesse spatiale et coût de calcul.

2.3.5.2 CNN 3D : extension naturelle mais coûteuse

Les CNN 3D étendent les opérations de convolution et pooling à trois dimensions.

Architectures classiques 3D :

- **3D U-Net :** Segmentation sémantique dense en 3D, encoder-decoder avec skip connections
- **V-Net :** Variante avec residual connections et convolutions 3D
- **ResNet 3D, DenseNet 3D :** Adaptations des architectures 2D célèbres

Contraintes pratiques : L'utilisation de réseaux de neurones convolutifs 3D se heurte à des contraintes mémoire importantes sur les GPU standards (16 à 32 Go), ce qui impose plusieurs ajustements pour pouvoir entraîner ces modèles. Il est généralement nécessaire de réduire fortement la taille des volumes en appliquant un downsampling drastique (par exemple, à $64 \times 64 \times 64$ ou $128 \times 128 \times 128$ voxels au maximum). Par ailleurs, il faut souvent traiter les données sous forme de patchs ou de sous-volumes extraits du volume initial, puis recombiner les résultats. La profondeur du réseau lui-même doit être limitée afin de réduire l'empreinte mémoire, et la taille des lots (batch size) pendant l'entraînement doit fréquemment être extrêmement réduite, parfois à seulement un ou deux échantillons par itération.

Le downsampling détruit les détails fins (cellules individuelles non résolues), limitant la capacité à capturer l'information biologique subtile.

Résultats et limitations : Bien que les CNN 3D puissent obtenir de bonnes performances sur certaines tâches de classification d'organoïdes, ils présentent plusieurs limitations importantes. Ils nécessitent de larges datasets annotés comptant plusieurs milliers d'exemples pour atteindre de bonnes performances. De plus, ils sont sensibles aux variations d'acquisition (domain shift), ce qui limite leur capacité de généralisation entre différents protocoles expérimentaux. Ces modèles

manquent également d'interprétabilité, fonctionnant comme des boîtes noires qui ne permettent pas d'identifier les caractéristiques biologiques discriminantes. Enfin, ils requièrent une augmentation extensive des données pour tenir compte des invariances géométriques, notamment les rotations et les symétries en 3D.

2.3.6 Approches basées graphes en histopathologie

2.3.6.1 Contexte : graphes cellulaires en pathologie numérique

Des travaux pionniers ont exploré l'utilisation de graphes pour l'analyse de tissus en histopathologie 2D ([Y. Zhou et al., 2019](#); [Jaume, Pati, Anklin, Foncubierta, & Gabrani, 2021](#); [Pati et al., 2022](#)), anticipant notre approche.

Graphes de cellules pour la classification de cancers : Les cellules dans une coupe histologique 2D sont représentées comme noeuds d'un graphe, connectées selon la proximité spatiale. Les features incluent morphologie nucléaire, texture, intensité de coloration. Des GNNs sont entraînés pour prédire le grade tumoral, le sous-type histologique, ou le pronostic.

Graphes de tissus multi-échelles : Représentations hiérarchiques où les noeuds peuvent être des cellules individuelles, des régions tissulaires, ou des glandes entières. Capture d'informations multi-échelles pertinentes pour le diagnostic.

Transcriptomique spatiale : Avec les technologies de transcriptomique spatiale, chaque "spot" (région de 50 m) est un noeud avec comme features le profil d'expression génique. Les GNNs intègrent l'information spatiale pour identifier des niches cellulaires, prédire des états cellulaires.

2.3.6.2 Résultats prometteurs

Ces approches ont montré des performances supérieures ou, du moins, comparables à celles des CNN classiques sur certaines tâches. Elles offrent également une meilleure interprétabilité, puisqu'il est possible d'identifier les cellules ou les régions tissulaires qui contribuent le plus à la décision. De plus, les méthodes basées sur les graphes se révèlent robustes face aux variations de taille d'image et permettent de capturer des motifs topologiques comme le regroupement cellulaire ou l'arrangement spatial, difficiles à appréhender avec des approches purement convolutionnelles.

2.3.6.3 Limitations et extension aux organoïdes 3D

Cependant, ces travaux présentent des limites importantes :

Limitation 2D : Les coupes histologiques sont intrinsèquement 2D, perdant l'information 3D cruciale des organoïdes

Tissus plans : Les approches sont conçues pour des architectures planaires, pas pour des structures sphéroïdales 3D

Features simples : Les graphes utilisés n'exploitent généralement pas les coordonnées spatiales 3D explicitement

Pas d'équivariance géométrique : Les architectures ne respectent pas les symétries 3D naturelles

L'extension de ces approches aux organoïdes 3D avec graphes géométriques équivariants constitue une contribution originale de notre travail.

2.4 Positionnement de la thèse

2.4.1 Lacunes identifiées dans la littérature

Notre revue de la littérature révèle plusieurs lacunes majeures :

2.4.1.1 Absence de méthodes automatisées spécifiques aux organoïdes 3D

À ce jour, il n'existe, à notre connaissance, aucune méthode publiée qui décrive un cadre complet et automatisé spécifiquement adapté à l'analyse d'organoïdes en trois dimensions. Les solutions actuellement disponibles présentent plusieurs limites : certaines, comme ImageJ ou Cell-Profiler, sont des outils généralistes qui requièrent une expertise technique importante de la part de l'utilisateur ; d'autres se concentrent sur des types de données différents, notamment l'histopathologie ou les cultures en deux dimensions ; certains pipelines proposent uniquement des modules isolés, tels que la segmentation sans analyse subséquente intégrée ; enfin, la plupart de ces outils n'ont pas fait l'objet de validations rigoureuses sur des jeux de données propres aux organoïdes 3D.

2.4.1.2 Sous-exploitation de la structure relationnelle

Les méthodes existantes traitent majoritairement les organoïdes comme des images, sans modéliser explicitement le réseau d'interactions cellulaires qui gouverne leur comportement. Les CNN opèrent sur des voxels, les descripteurs calculent des statistiques globales, mais la topologie du graphe cellulaire n'est pas exploitée.

2.4.1.3 Manque de solutions au problème de données limitées

La rareté de données annotées est un verrou reconnu mais peu adressé. Aucune approche de génération de données synthétiques spécifique aux organoïdes n'a été proposée. Les stratégies de transfer learning ou de few-shot learning pour ce domaine sont inexistantes.

2.4.1.4 Absence de prise en compte des invariances géométriques

Les symétries naturelles des organoïdes (invariance aux translations et rotations) sont généralement traitées via une augmentation des données extensive plutôt que garanties par l'architecture. Cela allonge l'entraînement et ne garantit pas parfaitement l'invariance.

2.4.2 Originalité de l'approche proposée

Notre approche se distingue par plusieurs aspects originaux qui adressent directement les lacunes identifiées.

2.4.2.1 Premier framework GNN pour organoïdes 3D

À notre connaissance, cette thèse propose la première application systématique de Graph Neural Networks géométriques à l'analyse d'organoïdes 3D. Alors que les GNNs sont établis pour l'étude des molécules et des protéines (prédiction de propriétés) et émergent en histopathologie 2D, leur application aux structures biologiques 3D complexes comme les organoïdes est inédite.

2.4.2.2 Représentation explicite de la structure relationnelle

Contrairement aux approches CNN qui considèrent l’organoïde comme une simple grille de voxels, notre méthode repose sur une représentation explicite des cellules individuelles en tant qu’entités discrètes. Nous construisons un graphe dans lequel chaque cellule est identifiée et reliée à ses voisines, ce qui permet de modéliser précisément la topologie et la structure relationnelle de l’organoïde. Cette modélisation rend possible une interprétation fine des mécanismes au niveau cellulaire, ouvrant la voie à une meilleure compréhension des interactions et des comportements collectifs au sein de la structure.

2.4.2.3 Équivariance géométrique par construction

L’utilisation d’architectures EGNN garantit l’invariance aux transformations euclidiennes par design architectural, sans nécessiter d’augmentation de données extensive. Cela améliore l’efficacité d’apprentissage et la robustesse.

2.4.2.4 Génération synthétique basée sur les processus ponctuels

Notre approche de génération de données synthétiques via les processus ponctuels sur la sphère est, à notre connaissance, inédite. Elle diffère des approches de data augmentation classiques en créant des organoïdes entièrement nouveaux avec des propriétés statistiques contrôlées, permettant une validation rigoureuse et un pré-entraînement ciblé.

2.4.2.5 Pipeline intégré de bout en bout

Plutôt qu’un ensemble d’outils dispersés, nous proposons un pipeline cohérent, optimisable conjointement, avec des interfaces claires entre les étapes, facilitant l’adoption et la reproduction.

2.4.3 Verrous scientifiques et techniques adressés

Cette thèse s’attaque à trois verrous majeurs, formant les contributions principales.

2.4.3.1 Verrou 1 : Représentation adaptée

Question scientifique : Comment encoder efficacement la structure 3D relationnelle des organoïdes pour l’apprentissage automatique ?

Notre réponse :

- Modélisation par graphes géométriques (cellules = nœuds, voisinage = arêtes)
- Features multi-modales (position, morphologie)
- Compression drastique tout en préservant l’information structurelle

2.4.3.2 Verrou 2 : Apprentissage avec données limitées

Question scientifique : Comment entraîner des modèles robustes malgré le manque d’annotations expertes ?

Notre réponse :

- Génération de données synthétiques via processus ponctuels
- Pré-entraînement sur synthétiques puis fine-tuning sur réels (transfer learning)

2.4.3.3 Verrou 3 : Robustesse et généralisation

Question scientifique : Comment assurer la robustesse aux variations expérimentales et la généralisation inter-laboratoires ?

Notre réponse :

- Invariances géométriques garanties par architecture équivariante
- Normalisation multi-niveau (features, graphes, prédictions)

2.4.4 Positionnement par rapport aux approches concurrentes

2.4.4.1 Comparaison conceptuelle

Critère	Manuel	Descripteurs	CNN 3D	GNN (Nous)
Automatisation	-	++	+++	+++
Scalabilité	-	++	+	+++
Empreinte mémoire	N/A	+++	-	+++
Features apprises	-	-	+++	+++
Invariances géométriques	++	+	+	+++
Besoin en données	N/A	+	—	++
Capture de relations	-	-	-	+++

Notre approche combine les avantages du deep learning (apprentissage de features), de l'efficacité computationnelle, et de l'expressivité structurelle (capture des relations cellulaires).

2.4.4.2 Complémentarité

Notre approche n'est pas exclusive mais complémentaire :

- Elle dépend d'une segmentation cellulaire préalable (Cellpose)
- Elle peut être combinée avec des descripteurs handcrafted (features additionnelles)
- Elle peut être comparée aux CNN 3D pour validation
- Elle peut être évaluée par rapport à l'analyse manuelle

2.4.5 Questions de recherche principales

Cette thèse cherche à répondre aux questions suivantes :

1. **Q1 - Représentation** : Les graphes géométriques constituent-ils une représentation efficace des organoïdes pour l'apprentissage automatique ?
2. **Q2 - Architecture** : Les GNNs équivariants apportent-ils un gain significatif par rapport aux GNNs standards ?
3. **Q3 - Données synthétiques** : Les données synthétiques générées par processus ponctuels sont-elles réalistes et utiles pour le pré-entraînement ?
4. **Q4 - Transfer learning** : Le pré-entraînement sur synthétiques améliore-t-il significativement les performances et la data efficiency sur données réelles ?
5. **Q5 - Généralisation** : L'approche est-elle robuste aux variations expérimentales et généralisable à différents types d'organoides ?

CHAPITRE 3

Fondements théoriques des Graph Neural Networks

Ce chapitre établit les fondements mathématiques et algorithmiques des Graph Neural Networks, pierre angulaire de notre approche. Nous y couvrons la théorie des graphes et les architectures GNN standards et géométriques.

3.1 Théorie des graphes

3.1.1 Définitions formelles

3.1.1.1 Graphe non-orienté

Un **graphe** non-orienté $G = (V, E)$ est défini par :

- Un ensemble fini de **nœuds** (ou sommets) : $V = \{v_1, v_2, \dots, v_N\}$ avec $|V| = N$
- Un ensemble d'**arêtes** : $E \subseteq \{(v_i, v_j) : v_i, v_j \in V, i \neq j\}$

Pour un graphe non-orienté, $(v_i, v_j) \in E \Leftrightarrow (v_j, v_i) \in E$. Dans cette thèse, nous travaillons exclusivement avec des graphes non-orientés simples (sans boucles ni arêtes multiples).

3.1.1.2 Voisinage et degré

Le **voisinage** d'un nœud v_i est défini par :

$$\mathcal{N}(v_i) = \{v_j \in V : (v_i, v_j) \in E\}$$

Le **degré** d'un nœud est le nombre de ses voisins :

$$d_i = |\mathcal{N}(v_i)| = \sum_{j=1}^N A_{ij}$$

où \mathbf{A} est la matrice d'adjacence définie ci-après.

3.1.1.3 Graphes pondérés et avec features

Un **graphe pondéré** associe un poids $w_{ij} \in \mathbb{R}^+$ à chaque arête. Dans notre contexte, les poids peuvent représenter des distances géométriques ou des mesures de similarité.

Un **graphe avec features** (ou graphe attributé) associe :

- Un vecteur de features de nœuds : $\mathbf{f}_i \in \mathbb{R}^{D_f}$ pour chaque v_i
- Optionnellement, un vecteur de features d’arêtes : $\mathbf{e}_{ij} \in \mathbb{R}^{D_e}$ pour chaque $(v_i, v_j) \in E$
Ces features encodent les propriétés des entités (cellules) et de leurs relations.

3.1.1.4 Graphes géométriques

Un **graphe géométrique** est un graphe dont les nœuds sont associés à des coordonnées spatiales $\mathbf{x}_i \in \mathbb{R}^d$, où d est la dimension de l’espace ambiant (typiquement $d = 2$ ou $d = 3$).

Pour les organoïdes, chaque cellule est un nœud avec sa position 3D : $\mathbf{x}_i = (x_i, y_i, z_i) \in \mathbb{R}^3$.

Les graphes géométriques possèdent des propriétés spécifiques :

- La topologie est souvent induite par la géométrie (connectivité basée sur la proximité spatiale)
- Ils admettent des transformations géométriques naturelles (groupe euclidien $E(d)$)
- Les distances euclidiennes $\|\mathbf{x}_i - \mathbf{x}_j\|$ sont des features naturelles des arêtes

3.1.2 Représentations matricielles

Plusieurs représentations matricielles d’un graphe sont fondamentales pour les algorithmes sur les graphes.

3.1.2.1 Matrice d’adjacence

La matrice d’adjacence $\mathbf{A} \in \{0, 1\}^{N \times N}$ encode la topologie :

$$A_{ij} = \begin{cases} 1 & \text{si } (v_i, v_j) \in E \\ 0 & \text{sinon} \end{cases}$$

Pour un graphe non-orienté, \mathbf{A} est symétrique : $A_{ij} = A_{ji}$.

Pour un graphe pondéré, \mathbf{A} contient les poids : $A_{ij} = w_{ij}$.

3.1.2.2 Matrice de degré

La matrice de degré $\mathbf{D} \in \mathbb{R}^{N \times N}$ est diagonale :

$$\mathbf{D} = \text{diag}(d_1, d_2, \dots, d_N)$$

où $d_i = \sum_{j=1}^N A_{ij}$ est le degré du nœud i .

3.1.2.3 Matrice Laplacienne

Le Laplacien de graphe est défini par :

$$\mathbf{L} = \mathbf{D} - \mathbf{A}$$

Cette matrice, symétrique semi-définie positive, joue un rôle central en théorie spectrale des graphes. Ses propriétés :

- **L1 = 0** : le vecteur constant est vecteur propre de valeur propre 0
- La multiplicité de la valeur propre 0 est égal au nombre de composantes connexes
- Les vecteurs propres (harmoniques de Fourier sur le graphe) forment une base pour les fonctions sur le graphe

3.1.2.4 Laplacien normalisé

Deux normalisations courantes :

Laplacien symétrique normalisé :

$$\mathbf{L}_{\text{sym}} = \mathbf{D}^{-1/2} \mathbf{L} \mathbf{D}^{-1/2} = \mathbf{I} - \mathbf{D}^{-1/2} \mathbf{A} \mathbf{D}^{-1/2}$$

Random walk Laplacien :

$$\mathbf{L}_{\text{rw}} = \mathbf{D}^{-1} \mathbf{L} = \mathbf{I} - \mathbf{D}^{-1} \mathbf{A}$$

La normalisation est cruciale pour éviter les biais vers les noeuds de haut degré et assurer la stabilité numérique des GNNs.

3.1.3 Métriques et propriétés topologiques

3.1.3.1 Métriques locales

Degré : Le degré d_i caractérise la connectivité locale. La distribution des degrés $P(d)$ caractérise le graphe globalement.

Coefficient de clustering : Mesure la tendance à former des triangles (triades fermées) :

$$C_i = \frac{2|\{(v_j, v_k) : v_j, v_k \in \mathcal{N}(i), (v_j, v_k) \in E\}|}{d_i(d_i - 1)}$$

Un clustering élevé indique une structure fortement modulaire, communautaire.

Centralité : Plusieurs mesures quantifient l'"importance" d'un noeud :

- **Centralité de degré** : le degré d_i lui-même
- **Centralité d'intermédiarité (betweenness)** : le nombre de plus courts chemins passant par le noeud
- **Centralité de proximité (closeness)** : l'inverse de la distance moyenne aux autres noeuds
- **Centralité de vecteur propre** : l'importance basée sur l'importance des voisins (c'est l'idée derrière l'algorithme PageRank de Google)

3.1.3.2 Métriques globales

Densité : La proportion d'arêtes présentes par rapport au maximum possible :

$$\rho = \frac{2|E|}{N(N - 1)}$$

Diamètre : La plus grande distance géodésique (le plus court chemin) entre deux noeuds :

$$\text{diam}(G) = \max_{i,j} d_G(v_i, v_j)$$

Coefficient de clustering global : La moyenne des coefficients de clustering locaux :

$$\bar{C} = \frac{1}{N} \sum_{i=1}^N C_i$$

Composantes connexes : Un graphe est connexe s'il existe un chemin entre toute paire de nœuds. Le nombre de composantes connexes caractérise la fragmentation.

3.1.4 Graphes géométriques : spécificités

3.1.4.1 Graphes géométriques vs abstraits

Les graphes géométriques diffèrent fondamentalement des graphes abstraits :

Graphes abstraits (réseaux sociaux, knowledge graphs) :

- La topologie est l'information primordiale
- Pas de notion de "position" dans un espace euclidien
- Les transformations pertinentes sont des permutations de nœuds (isomorphismes)

Graphes géométriques (nuages de points 3D, protéines, organoïdes) :

- La géométrie (positions) est aussi importante que la topologie
- Les coordonnées sont des features essentielles
- Les transformations pertinentes sont géométriques (rotations, translations, réflexions) en plus des permutations de nœuds
- Ils sont adaptés à des architectures spécialisées respectant les symétries géométriques (GNNs équivariants)

3.1.4.2 Construction de graphes géométriques

Étant donné un ensemble de points $\{\mathbf{x}_i\}_{i=1}^N \subset \mathbb{R}^d$, plusieurs stratégies permettent de construire un graphe :

K-Nearst Neighbors (K-NN) : On connecte chaque point à ses k plus proches voisins selon la distance euclidienne. Le graphe est dirigé asymétrique en général, il peut être symétrisé (on ajoute une arête s'il y a au moins un voisinage mutuel).

ϵ -radius graph : On connecte deux points si leur distance est inférieure à ϵ . Le graphe est non-orienté par construction. Il est sensible au choix de ϵ .

Relative Neighborhood Graph (RNG) : On connecte i et j si et seulement si aucun autre point k n'est plus proche des deux que i et j le sont l'un de l'autre.

Gabriel graph : On connecte i et j si et seulement si la sphère de diamètre \overline{ij} ne contient aucun autre point.

Triangulation de Delaunay : On effectue une triangulation (tétraédrisation en 3D) maximisant l'angle minimal des simplexes. Le graphe est planaire en 2D et possède des propriétés géométriques élégantes.

Le choix de la stratégie influe sur la structure du graphe résultant et donc les performances des GNNs. Nous avons choisi une approche hybride combinant le K-NN et le rayon fixe pour construire notre graphe.

3.2 Graph Neural Networks : principes généraux

3.2.1 Motivations : pourquoi des architectures spécialisées ?

3.2.1.1 Limitations des réseaux classiques

Les architectures de deep learning standard ne sont pas adaptées aux graphes. Les perceptrons multicouches (MLP) requièrent des entrées de taille fixe sous forme de vecteurs de dimension pré-déterminée, alors que les graphes ont des tailles variables où le nombre de noeuds N change d'un exemple à l'autre. De plus, les MLP n'intègrent pas de notion de localité ou de structure relationnelle. Les réseaux de neurones convolutifs (CNN), quant à eux, sont conçus pour traiter des grilles régulières telles que les images ou les vidéos. Or, les graphes présentent des topologies irrégulières avec des voisinages de tailles variables d'un noeud à l'autre, ce qui empêche une application directe des convolutions classiques qui reposent sur une structure de grille uniforme.

3.2.1.2 Propriétés désirées

Une architecture pour les graphes devrait satisfaire :

Invariance par permutation des noeuds : $f(P \cdot G) = f(G)$ pour toute permutation P des noeuds

Localité : Exploiter l'information du voisinage local

Partage des poids : Même transformation appliquée à chaque noeud/arête

Taille variable : Traiter des graphes de tailles différentes sans modification

Les GNNs satisfont ces propriétés par construction.

3.2.2 Paradigme du Message Passing Neural Network

Le framework uniifié des Message Passing Neural Networks (MPNN) ([Gilmer, Schoenholz, Riley, Vinyals, & Dahl, 2017](#)) formalise la plupart des architectures GNN.

3.2.2.1 Schéma général

De façon générale, un Message Passing Neural Network (MPNN) met à jour l'information de chaque noeud du graphe en faisant circuler des messages entre voisins pendant plusieurs étapes. Le principe est le suivant : à chaque étape, chaque noeud collecte des informations provenant des noeuds qui lui sont connectés (ses voisins) — c'est la phase d'agrégation — puis met à jour son propre état en fonction de ce qu'il était auparavant et de ce qu'il a reçu — c'est la phase de mise à jour.

Formellement, pour K étapes de propagation de messages, on procède ainsi :

1. Agrégation de messages :

À l'étape k , chaque noeud i rassemble les états de ses voisins $j \in \mathcal{N}(i)$ issus de l'étape précédente :

$$\mathbf{m}_i^{(k)} = \text{AGG} \left(\left\{ \mathbf{h}_j^{(k-1)} : j \in \mathcal{N}(i) \right\} \right)$$

où $\mathbf{h}_i^{(k-1)}$ est la représentation (latente) du noeud i à l'étape précédente.

2. Mise à jour de l'état :

Ensuite, le noeud i met à jour son état à l'étape k en combinant son ancienne représentation et le

message agrégé :

$$\mathbf{h}_i^{(k)} = \text{UPDATE}(\mathbf{h}_i^{(k-1)}, \mathbf{m}_i^{(k)})$$

Initialisation :

Au début, l'état de chaque nœud est simplement son vecteur de features : $\mathbf{h}_i^{(0)} = \mathbf{f}_i$

Lecture (Readout) :

Une fois toutes les étapes complétées, on peut résumer tout le graphe (si besoin) grâce à une fonction de lecture qui combine les états finaux de tous les nœuds :

$$\mathbf{h}_G = \text{READOUT}(\{\mathbf{h}_i^{(K)} : i = 1, \dots, N\})$$

3.2.2.2 Fonctions d'agrégation

Les fonctions d'agrégation courantes sont :

La somme :

$$\mathbf{m}_i = \sum_{j \in \mathcal{N}(i)} \mathbf{h}_j$$

Elle est invariante par permutation des nœuds, préserve l'information totale mais est sensible à la taille du voisinage.

La moyenne :

$$\mathbf{m}_i = \frac{1}{|\mathcal{N}(i)|} \sum_{j \in \mathcal{N}(i)} \mathbf{h}_j$$

Elle est normalisée par la taille du voisinage, plus stable.

Le maximum :

$$\mathbf{m}_i = \max_{j \in \mathcal{N}(i)} \mathbf{h}_j$$

Elle est robuste aux outliers mais perte d'information.

L'attention pondérée :

$$\mathbf{m}_i = \sum_{j \in \mathcal{N}(i)} \alpha_{ij} \mathbf{h}_j$$

où α_{ij} sont des poids d'attention appris. Elle permet de pondérer différemment les voisins selon leur pertinence.

3.2.2.3 Fonctions de mise à jour

La mise à jour combine typiquement l'état précédent et le message agrégé. On peut utiliser différentes fonctions de mise à jour :

Simple :

$$\mathbf{h}_i^{(k)} = \sigma(\mathbf{W}^{(k)} \mathbf{m}_i^{(k)})$$

Avec self-loop :

$$\mathbf{h}_i^{(k)} = \sigma(\mathbf{W}_1^{(k)} \mathbf{h}_i^{(k-1)} + \mathbf{W}_2^{(k)} \mathbf{m}_i^{(k)})$$

Une variante de GRU :

$$\mathbf{h}_i^{(k)} = \text{GRU}(\mathbf{h}_i^{(k-1)}, \mathbf{m}_i^{(k)})$$

où σ est une activation non-linéaire (par exemple ReLU, ELU, etc.), et les \mathbf{W} sont des matrices de poids apprises.

3.2.3 Couches de convolution sur graphes

Le concept de convolution, central aux CNN, peut être généralisé aux graphes via deux approches.

3.2.3.1 Approche spatiale

Les méthodes spatiales opèrent directement dans le domaine des nœuds en agrégant l'information du voisinage.

Principe général : À chaque couche, chaque nœud agrège les features de ses voisins, applique une transformation, et met à jour sa représentation. Cela généralise la convolution spatiale des CNN : dans un CNN, chaque pixel agrège ses voisins sur une grille régulière (fenêtre 3×3) ; dans un GNN, chaque nœud agrège ses voisins sur un graphe irrégulier.

Avantages :

- Efficacité computationnelle ($\mathcal{O}(|E| \cdot D_h^2)$ par couche)
- Localité spatiale des filtres : chaque nœud agrège les features de ses voisins locaux
- Transférabilité entre graphes
- Flexibilité (différentes agrégations possibles)

3.2.3.2 Approche spectrale

Basée sur la théorie spectrale, la convolution est définie via la transformée de Fourier sur graphes. Cette approche est plus coûteuse en calcul mais permet de définir des filtres non-locaux.

Transformée de Fourier sur graphes : Les vecteurs propres $\{\mathbf{u}_\ell\}_{\ell=0}^{N-1}$ du Laplacien normalisé \mathbf{L} forment une base orthonormale (modes de Fourier sur le graphe). Un signal $\mathbf{f} \in \mathbb{R}^N$ se décompose de la manière suivante :

$$\hat{\mathbf{f}} = \mathbf{U}^T \mathbf{f}$$

où $\mathbf{U} = [\mathbf{u}_0, \dots, \mathbf{u}_{N-1}]$.

Convolution spectrale : La convolution d'un signal \mathbf{f} avec un filtre \mathbf{g} est définie ainsi :

$$\mathbf{f} \star_G \mathbf{g} = \mathbf{U} \left((\mathbf{U}^T \mathbf{f}) \odot (\mathbf{U}^T \mathbf{g}) \right)$$

où \odot est le produit élément-par-élément.

Limitations :

- Coût de calcul élevé (décomposition spectrale en $\mathcal{O}(N^3)$)
- Filtres non-localisés spatialement : chaque nœud agrège les features de tous les nœuds du graphe
- Dépendance à la structure du graphe : les filtres sont spécifiques au graphe et ne sont pas transférables à un autre graphe

3.2.3.3 Filtres de Chebyshev : approximation polynomiale

Pour pallier le coût prohibitif de la décomposition spectrale, Defferrard et al. ([Defferrard, Bresson, & Vandergheynst, 2016](#)) ont proposé d'approximer les filtres spectraux par des polynômes de Chebyshev. Cette approche réduit drastiquement la complexité tout en préservant l'expressivité des filtres.

Motivation : Au lieu de paramétrer directement les filtres dans le domaine spectral (ce qui nécessite la décomposition en vecteurs propres), on les exprime comme des polynômes des valeurs propres du Laplacien. Les polynômes de Chebyshev $T_k(x)$ forment une base orthogonale optimale pour cette approximation.

Définition récursive des polynômes de Chebyshev :

$$\begin{aligned} T_0(x) &= 1 \\ T_1(x) &= x \\ T_k(x) &= 2xT_{k-1}(x) - T_{k-2}(x) \quad \text{pour } k \geq 2 \end{aligned}$$

Filtre polynomial de Chebyshev d'ordre K : Un filtre spectral $g_\theta(\Lambda)$ (où Λ est la matrice diagonale des valeurs propres du Laplacien) peut s'approximer par :

$$g_\theta(\Lambda) \approx \sum_{k=0}^K \theta_k T_k(\tilde{\Lambda})$$

où $\tilde{\Lambda} = \frac{2}{\lambda_{\max}}\Lambda - \mathbf{I}$ normalise les valeurs propres dans $[-1, 1]$ (intervalle où les polynômes de Chebyshev sont définis), et θ_k sont les paramètres apprenables.

Convolution avec filtres de Chebyshev : La convolution d'un signal \mathbf{f} avec un filtre de Chebyshev d'ordre K devient :

$$\mathbf{f} \star_G g_\theta = \sum_{k=0}^K \theta_k T_k(\tilde{\mathbf{L}})\mathbf{f}$$

où $\tilde{\mathbf{L}} = \frac{2}{\lambda_{\max}}\mathbf{L} - \mathbf{I}$ est le Laplacien normalisé, et $T_k(\tilde{\mathbf{L}})$ est évalué récursivement :

$$\begin{aligned} \mathbf{x}_0 &= \mathbf{f} \\ \mathbf{x}_1 &= \tilde{\mathbf{L}}\mathbf{f} \\ \mathbf{x}_k &= 2\tilde{\mathbf{L}}\mathbf{x}_{k-1} - \mathbf{x}_{k-2} \quad \text{pour } k \geq 2 \end{aligned}$$

Avantages :

- **Localisation spatiale :** Un filtre d'ordre K agrège l'information jusqu'à distance K dans le graphe (notion de K -hop voisinage)
- **Efficacité :** Complexité $\mathcal{O}(K|E|)$ par couche (pas de décomposition spectrale nécessaire)
- **Stabilité numérique :** Les polynômes de Chebyshev sont bien conditionnés

Cas particulier $K = 1$: Avec un filtre d'ordre 1, on obtient :

$$g_\theta(\tilde{\mathbf{L}}) = \theta_0 T_0(\tilde{\mathbf{L}}) + \theta_1 T_1(\tilde{\mathbf{L}}) = \theta_0 \mathbf{I} + \theta_1 \tilde{\mathbf{L}}$$

Cette simplification drastique conduit directement à l'architecture GCN (voir Section suivante).

3.2.4 Pooling et agrégation globale

Pour passer d'une représentation au niveau des nœuds à une représentation du graphe entier (nécessaire pour classification de graphes), des opérations de pooling sont nécessaires. Ces opérations permettent de réduire la taille du graphe tout en préservant l'information importante.

3.2.4.1 Global pooling

Les opérations les plus simples agrègent les features de tous les nœuds. On peut utiliser la moyenne, le maximum ou la somme :

Global mean/max/sum pooling :

$$\mathbf{h}_G = \frac{1}{N} \sum_{i=1}^N \mathbf{h}_i^{(K)} \quad \text{ou} \quad \mathbf{h}_G = \max_{i=1}^N \mathbf{h}_i^{(K)} \quad \text{ou} \quad \mathbf{h}_G = \sum_{i=1}^N \mathbf{h}_i^{(K)}$$

Ces opérations sont invariantes par permutation des nœuds mais perdent potentiellement de l'information structurelle.

3.2.4.2 Hierarchical pooling

Des approches plus sophistiquées effectuent un pooling hiérarchique, réduisant progressivement le nombre de nœuds. On peut utiliser différentes méthodes :

DiffPool : Apprend une assignation soft de nœuds à des clusters, réduisant le graphe couche par couche. Cette méthode est différentiable et permet de réduire la taille du graphe de manière continue.

TopK pooling : Sélectionne les top-k nœuds selon un score appris, supprime les autres. Cette méthode est plus rapide et permet de réduire la taille du graphe de manière discrète.

SAGPool : Self-Attention Graph Pooling, utilise l'attention pour sélectionner les nœuds importants. Cette méthode est inspirée de l'attention multi-têtes utilisée dans les Transformers.

3.2.4.3 Set-based pooling

Set2Set : Utilise un mécanisme LSTM avec attention pour agréger itérativement les features de nœuds, traitant le graphe comme un ensemble (set) sans ordre.

Janossy pooling : Moyenne sur plusieurs permutations aléatoires pour approximer une fonction set-invariante.

Le choix de pooling impacte significativement les performances pour la classification de graphes.

3.3 Ensembles non ordonnés et DeepSets

Avant d'explorer les architectures GNN, il est essentiel de comprendre les fondements théoriques du traitement des ensembles non ordonnés. Cette section présente l'architecture DeepSets ([Zaheer et al., 2017](#)), qui établit les bases mathématiques de l'invariance aux permutations et constitue un précurseur conceptuel important des GNNs.

3.3.1 Motivation : traitement d'ensembles et nuages de points

De nombreux problèmes d'apprentissage machine impliquent des données sous forme d'ensembles non ordonnés :

- **Nuages de points 3D** : Scans LiDAR, scans 3D de scènes ou d'objets, représentations géométriques d'organoides

- **Ensembles de vecteurs :** Collections d’images (album photos), ensembles de documents (corpus), ensembles de protéines (complexes)
 - **Sous-graphes :** Représentation d’un graphe comme ensemble de nœuds avec features
- Propriété fondamentale : invariance aux permutations**

Un ensemble $\mathcal{X} = \{\mathbf{x}_1, \mathbf{x}_2, \dots, \mathbf{x}_n\}$ ne possède pas d’ordre intrinsèque. Toute fonction f opérant sur des ensembles doit être invariante aux permutations :

$$f(\{\mathbf{x}_1, \mathbf{x}_2, \dots, \mathbf{x}_n\}) = f(\{\mathbf{x}_{\pi(1)}, \mathbf{x}_{\pi(2)}, \dots, \mathbf{x}_{\pi(n)}\})$$

pour toute permutation $\pi \in S_n$ où S_n est le groupe symétrique.

Approches naïves et leurs limitations :

Agrégation simple : Calculer la moyenne ou la somme des features : $f(\mathcal{X}) = \frac{1}{n} \sum_{i=1}^n \mathbf{x}_i$. Cette approche est invariante aux permutations mais trop limitative : elle ne peut pas apprendre de transformations non-linéaires complexes.

Traiter comme séquence : Utiliser un RNN/LSTM en traitant l’ensemble comme une séquence arbitraire. Problème : le résultat dépend de l’ordre (non invariant), et il faut moyenner sur toutes les permutations (coût factoriel $\mathcal{O}(n!)$).

Data augmentation : Entraîner avec toutes les permutations possibles. Problème : intractable pour $n > 10$, approximation coûteuse, pas de garantie théorique d’invariance complète.

3.3.2 Théorème de représentation universelle de DeepSets

Zaheer et al. ([Zaheer et al., 2017](#)) établissent un résultat théorique fondamental caractérisant toutes les fonctions invariantes aux permutations.

3.3.2.1 Énoncé du théorème

Théorème (Zaheer et al., 2017) : Une fonction $f : \mathcal{P}(\mathcal{X}) \rightarrow \mathbb{R}$ opérant sur des ensembles finis est invariante aux permutations si et seulement si elle peut s’écrire sous la forme :

$$f(\{\mathbf{x}_1, \dots, \mathbf{x}_n\}) = \rho \left(\sum_{i=1}^n \phi(\mathbf{x}_i) \right)$$

où $\phi : \mathcal{X} \rightarrow \mathbb{R}^d$ et $\rho : \mathbb{R}^d \rightarrow \mathbb{R}$ sont des fonctions continues.

Interprétation :

- ϕ : fonction d’encodage qui transforme chaque élément individuellement (element-wise, order-free)
- \sum : agrégation symétrique (invariante aux permutations). Peut être remplacée par max, min, ou moyenne
- ρ : fonction de décodage opérant sur la représentation agrégée

Généralisation pour outputs vectoriels : Pour $f : \mathcal{P}(\mathcal{X}) \rightarrow \mathbb{R}^k$ (classification multi-classes, embeddings), le théorème se généralise naturellement.

3.3.2.2 Universalité avec réseaux de neurones

Le théorème d’approximation universelle garantit que si ϕ et ρ sont des réseaux de neurones multi-couches avec fonctions d’activation non-linéaires, alors toute fonction continue invariante aux permutations peut être approximée arbitrairement bien.

Conséquence pratique : Il suffit d'utiliser des MLPs pour ϕ et ρ pour obtenir un approximateur universel de fonctions sur ensembles.

3.3.3 Architecture DeepSets

3.3.3.1 Définition formelle

L'architecture DeepSets pour des ensembles de taille variable s'écrit :

$$f(\mathcal{X}) = \rho(\text{AGG}(\{\phi(\mathbf{x}_i) : \mathbf{x}_i \in \mathcal{X}\}))$$

Composants :

1. *Encodeur par élément ϕ (MLP)* :

$$\phi(\mathbf{x}_i) = \text{MLP}_\phi(\mathbf{x}_i) = \mathbf{W}_L^{(\phi)} \sigma(\mathbf{W}_{L-1}^{(\phi)} \cdots \sigma(\mathbf{W}_1^{(\phi)} \mathbf{x}_i))$$

Typiquement 2-3 couches cachées avec ReLU. Transforme $\mathbf{x}_i \in \mathbb{R}^{D_{\text{in}}}$ en $\mathbf{z}_i \in \mathbb{R}^d$.

2. *Agrégation symétrique AGG* :

$$\begin{aligned} \text{AGG}_{\text{sum}}(\{\mathbf{z}_i\}) &= \sum_{i=1}^n \mathbf{z}_i \\ \text{AGG}_{\text{mean}}(\{\mathbf{z}_i\}) &= \frac{1}{n} \sum_{i=1}^n \mathbf{z}_i \\ \text{AGG}_{\text{max}}(\{\mathbf{z}_i\}) &= \max_{i=1}^n \mathbf{z}_i \quad (\text{element-wise}) \end{aligned}$$

3. *Décodeur ρ (MLP)* :

$$\rho(\mathbf{z}) = \text{MLP}_\rho(\mathbf{z}) = \mathbf{W}_K^{(\rho)} \sigma(\mathbf{W}_{K-1}^{(\rho)} \cdots \sigma(\mathbf{W}_1^{(\rho)} \mathbf{z}))$$

Produit l'output final : classe, score, embedding.

3.3.3.2 Variantes d'agrégation

Le choix de l'agrégation influence l'expressivité :

Somme : Sensible à la cardinalité de l'ensemble. Deux ensembles de tailles différentes auront des sorties différentes même si leurs éléments ont des features similaires. Avantage : préserve l'information sur la taille.

Moyenne : Invariante à la cardinalité (scaling). Préférable si la taille de l'ensemble est arbitraire ou non informative. Utilisée couramment dans les GNNs (mean aggregation).

Max : Capture les features saillantes. Moins sensible aux outliers négatifs. Utilisée dans PointNet pour sa robustesse.

Multi-agrégation : Combiner plusieurs agrégations (concaténer sum, mean, max) pour bénéficier de leurs avantages respectifs.

3.3.4 PointNet : DeepSets pour nuages de points 3D

Qi et al. (Qi, Su, Mo, & Guibas, 2017) proposent PointNet, une application spécialisée de DeepSets aux nuages de points 3D, contemporaine de DeepSets (2017).

3.3.4.1 Architecture PointNet

Pour un nuage de points $\{\mathbf{x}_i\}_{i=1}^n$ avec $\mathbf{x}_i \in \mathbb{R}^3$ (ou \mathbb{R}^{3+D_f} avec features) :

$$f(\{\mathbf{x}_1, \dots, \mathbf{x}_n\}) = \text{MLP}_\rho \left(\max_{i=1}^n \text{MLP}_\phi(\mathbf{x}_i) \right)$$

Différences avec DeepSets vanille :

1. *Max pooling* : PointNet utilise exclusivement max-pooling (pas sum/mean) pour capturer les caractéristiques saillantes géométriques.
2. *Spatial Transformer Network (optionnel)* : Un module T-Net apprend une transformation affine $\mathbf{T} \in \mathbb{R}^{3 \times 3}$ pour aligner canoniquement le nuage : $\mathbf{x}'_i = \mathbf{T}\mathbf{x}_i$. Procure une quasi-invariance aux rotations et translations.
3. *Feature Transformer* : Un second T-Net dans l'espace des features (dim 64) pour alignement dans l'espace latent.

3.3.4.2 Performances et limitations

Avantages de PointNet : PointNet présente plusieurs atouts importants. Cette architecture traite directement les nuages de points sans nécessiter de voxelisation ni de projection sur une grille régulière. Elle garantit une invariance stricte aux permutations, assurant que l'ordre de traitement des points n'affecte pas le résultat. De plus, elle offre une complexité computationnelle linéaire en $\mathcal{O}(n)$ par rapport au nombre de points, la rendant particulièrement rapide. Enfin, PointNet se montre robuste face aux points manquants et au bruit dans les données.

Limitations fondamentales : Malgré ces avantages, PointNet souffre de limitations importantes. D'abord, l'absence de contexte local constitue un problème majeur : chaque point est traité indépendamment par la fonction ϕ avant l'agrégation globale, ce qui empêche de capturer explicitement les structures locales telles que les surfaces ou les arêtes. Ensuite, l'utilisation d'une agrégation globale unique via max-pooling sur l'ensemble des points entraîne une perte d'information sur les relations spatiales locales entre points voisins. Ces limitations rendent PointNet peu adapté aux scènes complexes où la capture de patterns géométriques fins est essentielle.

PointNet++ (Qi, Yi, Su, & Guibas, 2017) adresse ces limitations en introduisant une hiérarchie multi-échelles avec agrégations locales (set abstraction layers), se rapprochant conceptuellement des GNNs.

3.3.5 Lien avec les Graph Neural Networks

DeepSets et GNNs partagent des fondements communs mais diffèrent dans leur structure.

3.3.5.1 GNN comme généralisation de DeepSets

Un GNN peut être vu comme une généralisation de DeepSets où :

- **DeepSets** : Agrégation globale sur *tous* les éléments de l'ensemble
- **GNN** : Agrégations *locales* structurées par la topologie du graphe (voisinages)

Formalisation :

DeepSets (agrégation globale) :

$$\mathbf{h}_G = \rho \left(\sum_{i=1}^n \phi(\mathbf{x}_i) \right)$$

GNN (agrégations locales itératives) :

$$\mathbf{h}_i^{(k+1)} = \phi^{(k)} \left(\mathbf{h}_i^{(k)}, \sum_{j \in \mathcal{N}(i)} \psi^{(k)}(\mathbf{h}_j^{(k)}) \right)$$

Chaque nœud agrège uniquement son voisinage local $\mathcal{N}(i)$ défini par le graphe. Après K couches, l'information se propage à distance K .

3.3.5.2 Cas particulier : graphe complet

Si le graphe est complet ($E = V \times V$, tous les nœuds connectés), alors $\mathcal{N}(i) = V \setminus \{i\}$ et un GNN à 1 couche se réduit essentiellement à DeepSets :

$$\mathbf{h}_i = \phi \left(\mathbf{x}_i, \sum_{j \neq i} \psi(\mathbf{x}_j) \right) \approx \phi(\mathbf{x}_i, \text{AGG}(\mathcal{X}))$$

C'est le cas pour les K-NN graphes avec K grand ou graphes géométriques denses.

3.3.5.3 Nuages de points : DeepSets vs graphes

Pour analyser des nuages de points 3D (comme les organoïdes), deux approches sont possibles :

Approche DeepSets/PointNet :

- Traiter le nuage comme un ensemble non structuré
- Agrégation globale unique
- Ignore les relations de proximité spatiale
- Avantage : simplicité, rapidité
- Limitation : perte d'information structurelle locale

Approche graphe (GNN) :

- Construire un graphe K-NN ou basé sur distance-seuil
- Agrégations locales itératives respectant la géométrie
- Capture explicitement les voisinages spatiaux
- Avantage : expressivité, information relationnelle
- Coût : complexité de construction du graphe et propagation

Justification pour notre approche :

Pour les organoïdes, la structure spatiale locale (contacts cellule-cellule, organisation en couches) est biologiquement cruciale. Les GNNs sont donc préférables à DeepSets car ils encodent explicitement ces relations. Cependant, DeepSets établit les fondations théoriques de l'invariance aux permutations que les GNNs héritent et généralisent.

3.4 Architectures GNN standards

3.4.1 Graph Convolutional Networks (GCN)

3.4.1.1 Motivation et dérivation

Kipf et Welling ([Kipf & Welling, 2017](#)) ont proposé une simplification élégante des convolutions spectrales aboutissant à une opération spatiale efficace. GCN est devenu une architecture de référence pour son équilibre entre simplicité, efficacité et performances.

Dérivation depuis l'approche spectrale : En partant de la convolution spectrale avec filtres de Chebyshev d'ordre 1 (voir Section précédente), on a :

$$g_\theta \star \mathbf{f} = \theta_0 \mathbf{f} + \theta_1 \tilde{\mathbf{L}} \mathbf{f}$$

où $\tilde{\mathbf{L}} = \frac{2}{\lambda_{\max}} \mathbf{L} - \mathbf{I}$ est le Laplacien normalisé.

Simplifications successives :

1. *Approximation de λ_{\max}* : Pour un graphe connecté non orienté, λ_{\max} (la plus grande valeur propre du Laplacien normalisé) est proche de 2. En posant $\lambda_{\max} \approx 2$, on obtient :

$$\tilde{\mathbf{L}} \approx \mathbf{L} - \mathbf{I}$$

2. *Réduction du nombre de paramètres* : On constraint les paramètres avec $\theta = \theta_0 = -\theta_1$ (un seul paramètre libre), ce qui donne :

$$g_\theta \star \mathbf{f} \approx \theta (\mathbf{I} + \mathbf{D}^{-1/2} \mathbf{A} \mathbf{D}^{-1/2}) \mathbf{f}$$

car $\mathbf{L} = \mathbf{I} - \mathbf{D}^{-1/2} \mathbf{A} \mathbf{D}^{-1/2}$ pour le Laplacien normalisé.

3. *Ajout de self-loops* : Pour stabiliser l'entraînement et éviter la disparition du gradient, on ajoute des self-loops : $\tilde{\mathbf{A}} = \mathbf{A} + \mathbf{I}$ avec le degré correspondant $\tilde{\mathbf{D}}$. On obtient alors la formule finale :

$$g_\theta \star \mathbf{f} = \theta \tilde{\mathbf{D}}^{-1/2} \tilde{\mathbf{A}} \tilde{\mathbf{D}}^{-1/2} \mathbf{f}$$

Cette opération agrège les features du nœud lui-même et de ses voisins directs (1-hop), avec une normalisation symétrique. En notation par nœud :

$$\mathbf{h}_i^{(k+1)} = \sigma \left(\sum_{j \in \tilde{\mathcal{N}}(i)} \frac{1}{\sqrt{\tilde{d}_i \tilde{d}_j}} \mathbf{W}^{(k)} \mathbf{h}_j^{(k)} \right)$$

où $\tilde{\mathcal{N}}(i) = \mathcal{N}(i) \cup \{i\}$ inclut le nœud lui-même (self-loop), et $\mathbf{W}^{(k)} = \theta^{(k)} \mathbf{I}$ généralise le scalaire θ en une matrice de transformation.

Formulation matricielle : Une couche GCN est définie par :

$$\mathbf{H}^{(k+1)} = \sigma \left(\tilde{\mathbf{D}}^{-1/2} \tilde{\mathbf{A}} \tilde{\mathbf{D}}^{-1/2} \mathbf{H}^{(k)} \mathbf{W}^{(k)} \right)$$

où :

- $\tilde{\mathbf{A}} = \mathbf{A} + \mathbf{I}$ (ajout de self-loops)
- $\tilde{\mathbf{D}}$ est la matrice de degré de $\tilde{\mathbf{A}}$: $\tilde{D}_{ii} = \sum_j \tilde{A}_{ij}$
- $\mathbf{H}^{(k)} \in \mathbb{R}^{N \times D_h^{(k)}}$ matrice des features de tous les nœuds à la couche k
- $\mathbf{W}^{(k)} \in \mathbb{R}^{D_h^{(k)} \times D_h^{(k+1)}}$ matrice de poids apprise

— σ est une fonction d’activation non-linéaire (ReLU, ELU, etc.)

Interprétation spatiale : Chaque nœud effectue une moyenne pondérée normalisée des features de ses voisins (incluant lui-même via self-loop). La normalisation $\tilde{\mathbf{D}}^{-1/2}\tilde{\mathbf{A}}\tilde{\mathbf{D}}^{-1/2}$ assure que les nœuds de haut degré ne dominent pas l’agrégation.

3.4.1.2 Normalisation symétrique vs alternative

Plusieurs normalisations sont possibles :

Normalisation symétrique (standard) :

$$\hat{\mathbf{A}} = \tilde{\mathbf{D}}^{-1/2}\tilde{\mathbf{A}}\tilde{\mathbf{D}}^{-1/2}$$

Traite de manière symétrique source et destination.

Normalisation par ligne :

$$\hat{\mathbf{A}} = \tilde{\mathbf{D}}^{-1}\tilde{\mathbf{A}}$$

Correspond à une marche aléatoire, chaque voisin contribue proportionnellement.

Sans normalisation :

$$\hat{\mathbf{A}} = \tilde{\mathbf{A}}$$

Les nœuds de haut degré dominent, généralement instable.

3.4.1.3 Propriétés

Complexité : $\mathcal{O}(|E| \cdot D_h^2)$ par couche, linéaire en nombre d’arêtes. Pour graphes sparse ($|E| \ll N^2$), très efficace.

Localité : Une couche GCN agrège information du voisinage à 1-hop. K couches élargissent le champ récepteur à K -hops.

Permutation-équivariance : Garantie par la formulation matricielle : $f(P \cdot G) = P \cdot f(G)$ pour toute permutation P .

Scalabilité : Peut s’appliquer à des graphes de millions de nœuds avec des techniques de mini-batching.

3.4.1.4 Implémentation pratique

Une architecture GCN typique pour classification de graphes :

1. **Encodage initial :** $\mathbf{H}^{(0)} = \mathbf{X}$ (features initiales)
2. **Couches GCN :** 2-4 couches avec dimensions cachées 64-256
3. **Activation :** ReLU ou ELU après chaque couche
4. **Dropout :** Régularisation entre couches (taux 0.2-0.5)
5. **Pooling :** Global mean/max pooling sur les nœuds
6. **Classification :** MLP final pour prédiction

3.4.1.5 Limitations

Over-smoothing : Avec de nombreuses couches ($K > 4$), les features de nœuds convergent vers des valeurs similaires, perdant l'information structurelle locale.

Traitement uniforme du voisinage : Tous les voisins contribuent également (après normalisation), pas de mécanisme d'attention.

Expressivité limitée : Au mieux équivalent au 1-WL test (Weisfeiler-Lehman), ne peut distinguer certains graphes non-isomorphes.

Sensibilité à la structure : La performance dépend fortement de la topologie du graphe et du choix de construction pour les graphes géométriques.

3.4.1.6 Variantes et améliorations

GCN avec residual connections :

$$\mathbf{H}^{(k+1)} = \sigma \left(\tilde{\mathbf{D}}^{-1/2} \tilde{\mathbf{A}} \tilde{\mathbf{D}}^{-1/2} \mathbf{H}^{(k)} \mathbf{W}^{(k)} \right) + \mathbf{H}^{(k)}$$

Atténue l'over-smoothing, améliore le gradient flow.

GCN avec edge weights : Pour graphes pondérés, $\tilde{A}_{ij} = w_{ij}$ où w_{ij} est le poids de l'arête.

GCN avec features d'arêtes : Extension où les arêtes portent aussi des features, intégrées via concaténation ou transformation.

3.4.2 Graph Attention Networks (GAT)

3.4.2.1 Motivation : attention adaptative

GAT (Veličković et al., 2018) introduit un mécanisme d'attention pour pondérer différemment les contributions des voisins, contrairement à GCN où tous les voisins contribuent uniformément (après normalisation). L'idée est d'apprendre quels voisins sont les plus pertinents pour chaque nœud.

3.4.2.2 Mécanisme d'attention

Étape 1 : Transformation linéaire partagée

$$\mathbf{h}'_i = \mathbf{W} \mathbf{h}_i$$

où $\mathbf{W} \in \mathbb{R}^{D' \times D}$ transforme les features de dimension D vers D' .

Étape 2 : Calcul des coefficients d'attention non-normalisés

$$e_{ij} = \text{LeakyReLU} \left(\mathbf{a}^T [\mathbf{W} \mathbf{h}_i \| \mathbf{W} \mathbf{h}_j] \right)$$

où :

- $\|$ dénote la concaténation : $[\mathbf{W} \mathbf{h}_i \| \mathbf{W} \mathbf{h}_j] \in \mathbb{R}^{2D'}$
- $\mathbf{a} \in \mathbb{R}^{2D'}$ est un vecteur de poids appris (mécanisme d'attention)
- LeakyReLU avec pente négative 0.2 (typiquement)

Le score e_{ij} mesure l'importance du nœud j pour le nœud i .

Étape 3 : Normalisation via softmax

$$\alpha_{ij} = \text{softmax}_j(e_{ij}) = \frac{\exp(e_{ij})}{\sum_{k \in \mathcal{N}(i) \cup \{i\}} \exp(e_{ik})}$$

Les coefficients α_{ij} sont des poids d'attention normalisés sommant à 1.

Étape 4 : Agrégation pondérée

$$\mathbf{h}_i^{(k+1)} = \sigma \left(\sum_{j \in \mathcal{N}(i) \cup \{i\}} \alpha_{ij} \mathbf{W} \mathbf{h}_j^{(k)} \right)$$

3.4.2.3 Multi-head attention

Par analogie avec les Transformers, GAT utilise plusieurs têtes d'attention en parallèle pour stabiliser l'apprentissage et capturer différents aspects des relations.

Couches cachées (concaténation) :

$$\mathbf{h}_i^{(k+1)} = \parallel_{m=1}^M \sigma \left(\sum_{j \in \mathcal{N}(i)} \alpha_{ij}^m \mathbf{W}^m \mathbf{h}_j^{(k)} \right)$$

où M est le nombre de têtes, chaque tête m a ses propres paramètres $\mathbf{W}^m, \mathbf{a}^m$. La sortie est de dimension $M \cdot D'$.

Dernière couche (moyenne) :

$$\mathbf{h}_i^{(K)} = \sigma \left(\frac{1}{M} \sum_{m=1}^M \sum_{j \in \mathcal{N}(i)} \alpha_{ij}^m \mathbf{W}^m \mathbf{h}_j^{(K-1)} \right)$$

La moyenne évite l'explosion de dimensionnalité en couche finale.

3.4.2.4 Propriétés et avantages

Pondération adaptative : Les voisins importants reçoivent plus d'attention. Par exemple, dans un organoïde, les cellules structurellement similaires peuvent recevoir plus de poids.

Parallélisation : Le calcul des coefficients d'attention est parallélisable sur les arêtes.

Localité : L'attention est calculée uniquement sur le voisinage local (contrairement à l'attention globale des Transformers).

Inductive : Peut généraliser à de nouveaux nœuds non vus pendant l'entraînement.

Interprétabilité : Les coefficients α_{ij} révèlent quelles connexions sont importantes pour la prédiction.

Complexité : $\mathcal{O}(|E| \cdot D' \cdot D + |E| \cdot D')$, reste linéaire en nombre d'arêtes.

3.4.2.5 GATv2 : amélioration du mécanisme d'attention

Brody et al. ont montré que le mécanisme d'attention de GAT original est limité : l'ordre des opérations (transformation linéaire puis attention) restreint l'expressivité. GATv2 modifie le calcul :

GAT original :

$$e_{ij} = \mathbf{a}^T [\mathbf{W}\mathbf{h}_i \| \mathbf{W}\mathbf{h}_j]$$

GATv2 :

$$e_{ij} = \mathbf{a}^T \text{LeakyReLU}(\mathbf{W}[\mathbf{h}_i \| \mathbf{h}_j])$$

L'activation non-linéaire est appliquée après la transformation, permettant une attention plus dynamique et expressive.

3.4.2.6 Limitations

Coût mémoire : Stockage des coefficients d'attention pour M têtes.

Over-smoothing : Toujours présent avec de nombreuses couches.

Attention locale uniquement : Pas d'attention globale sur tout le graphe (par design, pour la scalabilité).

3.4.3 GraphSAGE : sampling et agrégation

3.4.3.1 Motivation : scalabilité

Pour les très grands graphes (millions de noeuds), calculer l'agrégation sur tous les voisins devient prohibitif. GraphSAGE ([Hamilton, Ying, & Leskovec, 2017](#)) (SAmple and aggreGatE) propose un sampling du voisinage pour permettre un mini-batch training efficace.

Problème avec GCN full-batch : GCN requiert l'ensemble du graphe en mémoire pour calculer les représentations. Pour un graphe de millions de noeuds, cela devient impraticable.

Solution GraphSAGE : À chaque couche, échantillonner un nombre fixe de voisins au lieu d'utiliser tout le voisinage. Cela permet de contrôler la complexité et rend le mini-batch training possible.

3.4.3.2 Algorithme

Forward pass pour un noeud v_i :

1. **Échantillonnage** : Échantillonner S voisins uniformément : $\mathcal{N}_S(i) \subset \mathcal{N}(i)$, $|\mathcal{N}_S(i)| = S$

2. **Agrégation des voisins** :

$$\mathbf{h}_{\mathcal{N}(i)}^{(k)} = \text{AGGREGATE}^{(k)} \left(\left\{ \mathbf{h}_j^{(k-1)} : j \in \mathcal{N}_S(i) \right\} \right)$$

3. **Mise à jour avec self-information** :

$$\mathbf{h}_i^{(k)} = \sigma \left(\mathbf{W}^{(k)} \cdot [\mathbf{h}_i^{(k-1)} \| \mathbf{h}_{\mathcal{N}(i)}^{(k)}] \right)$$

4. **Normalisation L2** (optionnel) :

$$\mathbf{h}_i^{(k)} \leftarrow \frac{\mathbf{h}_i^{(k)}}{\|\mathbf{h}_i^{(k)}\|_2}$$

La concaténation $[\mathbf{h}_i^{(k-1)} \| \mathbf{h}_{\mathcal{N}(i)}^{(k)}]$ préserve explicitement l'information du noeud central.

3.4.3.3 Fonctions d'agrégation

GraphSAGE définit plusieurs agrégateurs avec différentes propriétés :

Mean aggregator :

$$\text{AGGREGATE}_{\text{mean}}^{(k)} = \frac{1}{|\mathcal{N}_S(i)|} \sum_{j \in \mathcal{N}_S(i)} \mathbf{h}_j^{(k-1)}$$

Permutation-invariant, simple et efficace. Variante : inclure le nœud central directement dans la moyenne (équivalent à GCN avec sampling).

LSTM aggregator :

$$\text{AGGREGATE}_{\text{LSTM}}^{(k)} = \text{LSTM} \left(\text{permute}(\{\mathbf{h}_j^{(k-1)} : j \in \mathcal{N}_S(i)\}) \right)$$

Traite le voisinage comme une séquence (après permutation aléatoire). Non permutation-invariant par construction, mais plus expressif en pratique.

Pooling aggregator :

$$\text{AGGREGATE}_{\text{pool}}^{(k)} = \max_{j \in \mathcal{N}_S(i)} \left\{ \sigma \left(\mathbf{W}_{\text{pool}} \mathbf{h}_j^{(k-1)} + \mathbf{b} \right) \right\}$$

où max est element-wise. Transformation non-linéaire avant agrégation, plus expressif que mean.

GCN aggregator :

$$\text{AGGREGATE}_{\text{GCN}}^{(k)} = \frac{1}{|\mathcal{N}_S(i)| + 1} \sum_{j \in \mathcal{N}_S(i) \cup \{i\}} \mathbf{h}_j^{(k-1)}$$

Inclut le nœud central, pas de concaténation séparée. Plus proche de GCN original.

3.4.3.4 Stratégies d'échantillonnage

Uniform sampling : Choisir S voisins uniformément. Simple mais peut manquer des voisins importants.

Importance sampling : Pondérer l'échantillonnage par importance (degré, centralité, etc.). Complexe mais plus efficace.

Échantillonnage multi-couches : Pour K couches avec S voisins par couche, le nombre total de nœuds échantillonés est $\mathcal{O}(S^K)$, contrôlable en ajustant S .

3.4.3.5 Inductive learning

Transductive (GCN) : Les embeddings sont appris pour chaque nœud spécifique. Pour prédire sur un nouveau nœud, il faut ré-entraîner.

Inductive (GraphSAGE) : Les fonctions d'agrégation sont apprises. Pour un nouveau nœud, on applique simplement ces fonctions sur son voisinage. Pas besoin de ré-entraînement.

Applications :

- Graphes dynamiques avec nouveaux nœuds ajoutés continuellement
- Généralisation inter-graphes (entraîner sur un graphe, appliquer à un autre)
- Prédiction sur sous-graphes non vus

3.4.3.6 Complexité

Sans sampling (GCN) : $\mathcal{O}(|E| \cdot D^2)$ par couche

Avec sampling (GraphSAGE) : $\mathcal{O}(S \cdot |V_{\text{batch}}| \cdot D^2)$ où V_{batch} est le mini-batch

Pour les grands graphes avec $|E| \gg S \cdot |V|$, il y a un gain substantiel.

3.4.3.7 Limitations

Variance due au sampling : Des échantillons différents donnent des résultats différents, nécessite la moyenne sur plusieurs forward passes pour la stabilité

Choix de S : Hyperparamètre critique affectant le trade-off précision/vitesse

Explosion de voisinage : Avec K couches, S^K noeuds échantillonés, peut exploser pour K grand

3.4.4 Graph Isomorphism Network (GIN)

3.4.4.1 Motivation : expressivité maximale

Xu et al. ([Xu, Hu, Leskovec, & Jegelka, 2019](#)) ont mené une analyse théorique rigoureuse de l'expressivité des GNNs, montrant que la plupart sont au mieux aussi puissants que le test de Weisfeiler-Lehman 1-WL pour distinguer des graphes. GIN atteint cette borne supérieure théorique.

3.4.4.2 Fondements théoriques

Théorème (Xu et al., 2019) : Soit \mathcal{F} l'ensemble des fonctions de voisinage permutation-invariantes. Un GNN est maximalement expressif (équivalent à 1-WL) si et seulement si son agrégation est *injective* sur les multisets.

Conséquence :

- **Sum aggregation** : Injective sur multisets (si le domaine des features est suffisamment riche)
 - **Mean aggregation** : Non injective (ex : $\{1, 1\}$ et $\{1\}$ donnent même moyenne)
 - **Max aggregation** : Non injective (ex : $\{1, 2\}$ et $\{1, 2, 2\}$ donnent même max)
- Donc GCN (mean) et GraphSAGE (mean/max) sont strictement moins expressifs que 1-WL.

3.4.4.3 Architecture GIN

Couche GIN :

$$\mathbf{h}_i^{(k+1)} = \text{MLP}^{(k)} \left(\left(1 + \epsilon^{(k)} \right) \cdot \mathbf{h}_i^{(k)} + \sum_{j \in \mathcal{N}(i)} \mathbf{h}_j^{(k)} \right)$$

où :

- $\epsilon^{(k)}$ est un paramètre scalaire (apris ou fixé, souvent $\epsilon = 0$)
- $\text{MLP}^{(k)}$ est un perceptron multi-couches (au moins 1 couche cachée)
- La somme $\sum_{j \in \mathcal{N}(i)}$ assure l'injectivité sur multisets
- Le terme $(1 + \epsilon)$ pondère le noeud central vs ses voisins

Readout pour classification de graphes :

$$\mathbf{h}_G = \sum_{k=0}^K \text{READOUT}^{(k)} \left(\left\{ \mathbf{h}_i^{(k)} : i \in V \right\} \right)$$

où READOUT est une fonction permutation-invariante (sum ou mean). La somme sur les couches combine information multi-échelles (Jumping Knowledge).

3.4.4.4 Choix du MLP

Le MLP doit être suffisamment expressif pour approximer des fonctions injectives. Architecture typique :

$$\text{MLP}(\mathbf{x}) = \mathbf{W}_2 \cdot \sigma(\mathbf{W}_1 \cdot \mathbf{x} + \mathbf{b}_1) + \mathbf{b}_2$$

avec 2 couches et activation ReLU. BatchNorm et Dropout ajoutés pour stabilité.

3.4.4.5 Propriétés théoriques

Théorème principal : GIN avec MLPs universels est aussi expressif que le 1-WL test. Plus précisément :

- Si deux graphes G_1, G_2 sont distingués par 1-WL, alors \exists un GIN tel que $f(G_1) \neq f(G_2)$
- Réciproquement, si GIN ne peut distinguer G_1, G_2 , alors 1-WL non plus

Corollaires pratiques :

- GIN peut distinguer tous les arbres (1-WL aussi)
- GIN ne peut distinguer certains graphes réguliers (limitation de 1-WL)
- Pour la plupart des applications pratiques, l'expressivité de GIN suffit

3.4.4.6 GIN- ϵ : variantes

GIN-0 : $\epsilon = 0$ (fixé)

$$\mathbf{h}_i^{(k+1)} = \text{MLP} \left(\mathbf{h}_i^{(k)} + \sum_{j \in \mathcal{N}(i)} \mathbf{h}_j^{(k)} \right)$$

GIN- ϵ : ϵ appris, permettant d'apprendre le poids relatif du nœud central vis-à-vis des voisins.

3.4.4.7 Comparaison avec les autres GNNs

Architecture	Agrégation	Expressivité
GCN	Mean (normalisée)	< 1-WL
GraphSAGE	Mean/Max	< 1-WL
GAT	Attention-weighted sum	< 1-WL
GIN	Sum + MLP	= 1-WL

GAT, bien qu'utilisant l'attention, utilise une somme pondérée qui n'est pas injective sur les multisets (différents ensembles de poids peuvent donner le même résultat).

3.4.4.8 Applications et performances

GIN obtient typiquement des performances state-of-the-art sur benchmarks de classification de graphes (MUTAG, PROTEINS, IMDB, etc.) grâce à son expressivité maximale. Pour les organoïdes, GIN peut être une baseline théorique forte.

3.4.4.9 Limitations

Over-smoothing : Toujours présent, même avec l'expressivité maximale

Limitation 1-WL : Ne peut distinguer certains graphes non-isomorphes (ex : graphes fortement réguliers)

Pas d'information géométrique : Ne tire pas parti des coordonnées 3D (pour les organoïdes)

Complexité du MLP : Plus de paramètres que GCN simple, risque de sur-apprentissage sur les petits datasets

3.4.5 Autres architectures notables

3.4.5.1 Principal Neighbourhood Aggregation (PNA)

PNA ([Corso, Cavalleri, Beaini, Liò, & Veličković, 2020](#)) combine plusieurs agrégateurs et scalers pour améliorer l'expressivité au-delà de GIN.

Motivation : GIN atteint l'expressivité 1-WL mais n'exploite qu'un seul type d'agrégation (somme). PNA propose d'utiliser plusieurs agrégations en parallèle.

Architecture :

$$\mathbf{h}_i^{(k+1)} = \text{MLP} \left(\bigoplus_{s \in S} \bigoplus_{a \in A} s \left(a \left(\{\mathbf{h}_j^{(k)} : j \in \mathcal{N}(i)\} \right) \right) \right)$$

où \bigoplus dénote la concaténation, et :

Agrégateur a :

- mean(\cdot) : Moyenne
- max(\cdot) : Maximum element-wise
- min(\cdot) : Minimum element-wise
- std(\cdot) : Écart-type
- sum(\cdot) : Somme

Scaler s :

- Identité : $s(\mathbf{x}) = \mathbf{x}$
- Amplification : $s(\mathbf{x}) = \log(|\mathcal{N}(i)| + 1) \cdot \mathbf{x}$
- Atténuation : $s(\mathbf{x}) = \mathbf{x}/(|\mathcal{N}(i)| + 1)$

Les scalers compensent les différences de degré entre les nœuds, évitant le biais vers les nœuds de haut degré.

Avantages :

- Plus expressif que GIN dans certains cas
- Robuste aux variations de degré
- Performances state-of-the-art sur plusieurs benchmarks

Limitations :

- Coût computationnel : $|A| \times |S|$ agrégations par couche
- Haute dimensionnalité des features concaténées

3.4.5.2 Graph Transformer Networks

Les Graph Transformers ([Dwivedi & Bresson, 2021](#) ; [Rampášek et al., 2023](#)) généralisent l’architecture Transformer ([Vaswani, Shazeer, Parmar, et al., 2017](#)) aux données de graphes.

Principe : Remplacer le passage de messages local par une attention globale sur tous les noeuds du graphe, comme dans les Transformers de texte.

Attention multi-têtes sur graphes :

$$\mathbf{h}_i^{(k+1)} = \sum_{j=1}^N \alpha_{ij} \mathbf{V}_j^{(k)}$$

où les poids d’attention sont calculés :

$$\alpha_{ij} = \frac{\exp((\mathbf{Q}_i^{(k)})^T \mathbf{K}_j^{(k)}) / \sqrt{d}}{\sum_{\ell=1}^N \exp((\mathbf{Q}_i^{(k)})^T \mathbf{K}_{\ell}^{(k)}) / \sqrt{d})}$$

avec $\mathbf{Q}, \mathbf{K}, \mathbf{V}$ les projections query, key, value.

Intégration de la structure de graphe :

Contrairement aux Transformers standards (où l’attention est purement par contenu), les Graph Transformers doivent encoder la topologie :

1. Encodage positionnel structurel : Ajouter des features basées sur la structure (distance géodésique, Laplacian eigenvectors, centralité).

2. Biais d’attention basés sur la structure :

$$\alpha_{ij} \propto \exp \left(\frac{\mathbf{Q}_i^T \mathbf{K}_j}{\sqrt{d}} + b_{ij} \right)$$

où b_{ij} encode la relation structurelle (ex : $b_{ij} = -\infty$ si pas d’arête).

Variantes :

Spectral Attention Network (SAN) ([Kreuzer, Beaini, Hamilton, Létourneau, & Tossou, 2021](#)) : Utilise les vecteurs propres du Laplacien comme encodage positionnel.

Structure-Aware Transformer ([Chen, O’Bray, & Borgwardt, 2022](#)) : Intègre explicitement les plus courts chemins et la structure locale.

Graphomer ([Ying et al., 2021](#)) : Utilise des encodages de centralité, distances spatiales, et biais d’arêtes.

Avantages :

- Attention globale : capture les dépendances à longue distance sans empiler des couches
- Expressivité : peut dépasser 1-WL avec bons encodages structurels
- Pas d’over-squashing : information flow global

Limitations :

- Complexité $\mathcal{O}(N^2)$: prohibitif pour les grands graphes
- Nécessite des encodages structurels soigneusement conçus
- Plus de paramètres que les MPNNs standards

Des analyses récentes ([Cai, Hy, Yu, & Wang, 2023](#)) établissent des connexions théoriques entre les MPNNs classiques et les Graph Transformers, montrant que sous certaines conditions, ils sont équivalents.

3.4.5.3 Jumping Knowledge Networks

Xu et al. ([Xu et al., 2018](#)) proposent de combiner les représentations de toutes les couches pour atténuer l’over-smoothing.

Principe : Au lieu d’utiliser seulement $\mathbf{h}_i^{(K)}$, on agrège les représentations de toutes les couches :

$$\mathbf{h}_i^{\text{final}} = \text{AGG}(\mathbf{h}_i^{(0)}, \mathbf{h}_i^{(1)}, \dots, \mathbf{h}_i^{(K)})$$

Variantes d’agrégation :

Concaténation :

$$\mathbf{h}_i^{\text{final}} = [\mathbf{h}_i^{(0)} \| \mathbf{h}_i^{(1)} \| \cdots \| \mathbf{h}_i^{(K)}]$$

Préserve toute l’information mais augmente la dimensionnalité.

Max-pooling :

$$\mathbf{h}_i^{\text{final}} = \max(\mathbf{h}_i^{(0)}, \mathbf{h}_i^{(1)}, \dots, \mathbf{h}_i^{(K)})$$

Element-wise, compact mais perte d’information.

LSTM-attention : Utiliser un LSTM pour agréger séquentiellement les représentations avec attention.

Avantages :

- Atténue l’over-smoothing en préservant information multi-échelles
- Permet réseaux plus profonds
- Amélioration empirique sur plusieurs benchmarks

3.5 GNNs géométriques : architectures E(n)-équivariantes

Les graphes géométriques (nuages de points 3D, organoïdes) nécessitent des architectures respectant les symétries géométriques. Cette section présente les principes et architectures des GNNs géométriques équivariants.

3.5.1 Symétries géométriques et groupes de transformation

3.5.1.1 Groupe euclidien E(n)

Le groupe euclidien $E(n)$ en dimension n contient :

Translations : $T_t(\mathbf{x}) = \mathbf{x} + t$

Rotations : $R_{\mathbf{R}}(\mathbf{x}) = \mathbf{R}\mathbf{x}$ où $\mathbf{R} \in SO(n)$ (matrices orthogonales de déterminant +1)

Réflexions : Symétries miroir

Pour les organoïdes 3D, $n = 3$: le groupe est $E(3)$.

3.5.1.2 Pourquoi respecter ces symétries ?

Justification scientifique : L’orientation et la position absolues d’un organoïde dans l’espace sont arbitraires (dépendent du montage sur lame). Seules les relations spatiales relatives sont biologiquement significatives. Une méthode d’analyse devrait donc être invariante aux transformations euclidiennes.

Bénéfices de l’équivariance :

- **Data efficiency :** Pas besoin d’apprendre séparément chaque orientation

- **Garanties théoriques** : Invariance parfaite, pas approximative
- **Généralisation** : Robustesse à des orientations non vues à l'entraînement

3.5.2 Invariance vs équivariance

3.5.2.1 Définitions formelles

Soit T une transformation (translation, rotation) et f une fonction.

Invariance : f est invariante si :

$$f(T(\mathbf{X})) = f(\mathbf{X})$$

pour tout \mathbf{X} .

Équivariance : f est équivariante si :

$$f(T(\mathbf{X})) = T(f(\mathbf{X}))$$

pour tout \mathbf{X} .

3.5.2.2 Quand utiliser quoi ?

L'invariance est désirée pour :

- La classification de graphes (le label du graphe ne change pas si on lui applique une transformation)
- La prédiction de propriétés globales scalaires (exemple : déformation d'un organoïde)

L'équivariance est désirée pour :

- La prédiction de features de nœuds (positions, vecteurs) (exemple : prédiction des forces atomiques)
- La génération de structures géométriques
- Les couches intermédiaires (composition d'équivariances)

Pour la classification d'organoïdes, nous souhaitons une architecture hybride combinant des couches intermédiaires **équivariantes** qui transforment correctement les features de nœuds, et une couche finale **invariante** qui produit une prédiction de classe invariante aux transformations géométriques.

3.5.3 Architectures GNN géométriques principales

Les GNN géométriques exploitent explicitement les coordonnées 3D des nœuds tout en respectant les symétries du groupe euclidien $E(3)$ (rotations, translations, réflexions) ou du groupe orthogonal $O(3)$ (rotations et réflexions). Nous présentons ici les architectures majeures, de la plus simple (EGNN) aux plus sophistiquées (harmoniques sphériques).

3.5.3.1 Equivariant Graph Neural Networks (EGNN)

EGNN ([Satorras, Hoogeboom, & Welling, 2021](#)) maintient l'équivariance $E(n)$ via une construction élégante et efficace. C'est l'une des architectures géométriques les plus simples à implémenter tout en garantissant l'équivariance par construction.

Architecture :

Messages invariants : Les messages sont construits en utilisant uniquement des quantités invariantes (distances) :

$$\mathbf{m}_{ij} = \phi_e \left(\mathbf{h}_i, \mathbf{h}_j, \|\mathbf{x}_i - \mathbf{x}_j\|^2, a_{ij} \right)$$

où ϕ_e est un MLP, a_{ij} attributs d'arête, \mathbf{h}_i features scalaires invariantes.

Mise à jour équivariante des coordonnées :

$$\mathbf{x}'_i = \mathbf{x}_i + \frac{1}{|\mathcal{N}(i)|} \sum_{j \in \mathcal{N}(i)} (\mathbf{x}_i - \mathbf{x}_j) \cdot \phi_x(\mathbf{m}_{ij})$$

où ϕ_x prédit un coefficient scalaire.

Mise à jour des features :

$$\mathbf{h}'_i = \phi_h \left(\mathbf{h}_i, \sum_{j \in \mathcal{N}(i)} \mathbf{m}_{ij} \right)$$

Garanties théoriques :

EGNN est prouvé être E(n)-équivariant :

- Si $\mathbf{X}' = T(\mathbf{X})$ avec $T \in E(n)$, alors les features scalaires \mathbf{H}' sont identiques
 - Les coordonnées mises à jour sont transformées : $\mathbf{X}'_{\text{out}} = T(\mathbf{X}_{\text{out}})$
- Cette propriété est garantie par construction, sans besoin d'augmentation.

Variantes et extensions :

- **EGNN avec attention** : Incorporation de mécanismes d'attention dans les messages
- **EGNN avec features vectorielles** : Extension pour features vectorielles équivariantes (vecteurs vitesse, forces)
- **EGNN conditionnels** : Conditionnement sur contexte global

Avantages :

- Simplicité d'implémentation
- Garanties théoriques d'équivariance par construction
- Efficacité computationnelle comparable aux GNN standards
- Pas besoin d'augmentation de données pour la géométrie

3.5.3.2 SchNet : convolutions continues radiales

Développé pour la prédiction de propriétés moléculaires en chimie quantique ([Schütt et al., 2017](#); [Schütt, Sauceda, Kindermans, Tkatchenko, & Müller, 2018](#)), SchNet utilise des convolutions continues basées sur les distances inter-atomiques.

Principe : Au lieu d'utiliser une connectivité discrète (arêtes binaires), SchNet opère sur un graphe dense avec des filtres radiaux continus.

Radial Basis Function (RBF) expansion : Les distances euclidiennes $r_{ij} = \|\mathbf{x}_i - \mathbf{x}_j\|$ sont représentées par leur projection sur une base de fonctions de type gaussienne :

$$\mathbf{e}_{ij} = [e^{-(r_{ij}-\mu_1)^2/\sigma^2}, \dots, e^{-(r_{ij}-\mu_K)^2/\sigma^2}]$$

où μ_1, \dots, μ_K sont des centres régulièrement espacés couvrant la plage de distances.

Continuous-filter convolution :

$$\mathbf{v}_i^{(k+1)} = \sum_{j \in \mathcal{N}(i)} \mathbf{v}_j^{(k)} \odot \mathbf{W}^{(k)} \mathbf{e}_{ij}$$

où :

- $\mathbf{W}^{(k)} \in \mathbb{R}^{D \times K}$ transforme l'encodage RBF en poids de filtre
- \odot est le produit element-wise (modulation)
- La somme agrège sur le voisinage (typiquement le rayon de coupure est de 5-10 Å)

Interaction block SchNet :

1. Transformation dense : $\mathbf{v}'_i = \mathbf{W}_1 \mathbf{v}_i$
2. Filtre radial : $\mathbf{w}_{ij} = \mathbf{W}_{\text{filter}}(\mathbf{e}_{ij})$
3. Convolution : $\mathbf{m}_i = \sum_j \mathbf{v}'_j \odot \mathbf{w}_{ij}$
4. Mise à jour : $\mathbf{v}_i^{\text{new}} = \mathbf{v}_i + \mathbf{W}_2 \mathbf{m}_i$

Propriétés :

- **Invariance à E(3)** : Utilise uniquement les distances (scalaires invariants)
- **Représentation continue** : Pas de discréétisation artificielle des distances
- **Performances** : State-of-the-art sur QM9 (prédition d'énergie moléculaire) à l'époque

Limitations :

- Invariant mais pas équivariant : ne peut prédire des quantités vectorielles (forces)
- N'utilise que les distances : ignore les angles et l'orientation
- Moins expressif géométriquement que DimeNet ou PaiNN

3.5.3.3 DimeNet : intégration directionnelle

DimeNet ([Gasteiger, Groß, & Günnemann, 2020](#)) (Directional Message Passing Neural Network) étend SchNet en intégrant les angles de liaison en plus des distances, capturant la géométrie locale 3D plus finement.

Motivation : Les propriétés moléculaires dépendent non seulement des distances mais aussi des angles (ex : angles de liaison dans les molécules organiques). SchNet ignore cette information directionnelle.

Triplets et angles : DimeNet considère des triplets de nœuds (i, j, k) où j est le nœud central :

$$\theta_{ijk} = \arccos \left(\frac{(\mathbf{x}_i - \mathbf{x}_j) \cdot (\mathbf{x}_k - \mathbf{x}_j)}{\|\mathbf{x}_i - \mathbf{x}_j\| \cdot \|\mathbf{x}_k - \mathbf{x}_j\|} \right)$$

Spherical Basis Function (SBF) expansion : Les angles sont encodés via des harmoniques sphériques :

$$\mathbf{a}_{ijk} = \text{SBF}(\theta_{ijk}, r_{ij}, r_{jk})$$

qui combine information angulaire et radiale.

Directional Message Passing :

1. Messages basés sur distances (comme SchNet) : \mathbf{m}_{ij}
2. Messages basés sur triplets :

$$\mathbf{m}_{ijk} = \mathbf{W}_{\text{tri}}(\mathbf{a}_{ijk}) \odot \mathbf{h}_k$$

3. Agrégation :

$$\mathbf{h}_j^{\text{new}} = \mathbf{h}_j + \sum_i \mathbf{m}_{ij} + \sum_{i,k} \mathbf{m}_{ijk}$$

Propriétés :

- **Expressivité géométrique accrue** : Capture information 3D complète (distances + angles)

- **Performances** : Meilleur que SchNet sur QM9 et MD17 (dynamique moléculaire)
- **Invariance E(3)** : Utilise scalaires invariants (distances, angles)
- Limitations :**
- **Complexité** : $\mathcal{O}(|E|^2)$ pour triplets, plus coûteux que SchNet
- **Toujours invariant** : Ne peut prédire forces ou autres quantités vectorielles
- **Paramètres nombreux** : SBF expansion augmente nombre de paramètres
- DimeNet++** : Version améliorée avec :
- Mise à jour basée sur paires d’arêtes au lieu de triplets complets (réduction complexité)
- Output blocks séparés pour efficacité
- Performances et vitesse améliorées

3.5.3.4 PaiNN : features vectorielles équivariantes

Polarizable Atom Interaction Neural Network ([Schütt, Unke, & Gasteiger, 2021](#)) maintient des features *scalaires* (invariantes) et *vectorielles* (équivariantes), permettant de prédire des propriétés vectorielles comme les forces. Cette approche représente un point intermédiaire entre les modèles purement scalaires (SchNet) et les modèles utilisant des représentations tensorielles complètes via harmoniques sphériques (comme NequIP ([Batzner et al., 2022](#))).

Représentation duale : Chaque nœud i a :

- Features scalaires : $\mathbf{s}_i \in \mathbb{R}^F$ (invariantes à E(3))
 - Features vectorielles : $\mathbf{V}_i \in \mathbb{R}^{F \times 3}$ (équivariantes à E(3))
- Sous rotation \mathbf{R} : $\mathbf{s}'_i = \mathbf{s}_i$ (invariant), $\mathbf{V}'_i = \mathbf{R}\mathbf{V}_i$ (équivariant).

Message Passing PaiNN :

1. Messages scalaires et vectoriels :

$$\mathbf{m}_{ij}^s = \mathbf{W}_s(\mathbf{s}_j) \odot \mathbf{W}_{\text{filter}}(r_{ij})$$

$$\mathbf{m}_{ij}^v = \mathbf{W}_v(\mathbf{s}_j) \odot \mathbf{W}_{\text{filter}}(r_{ij}) \otimes \frac{\mathbf{x}_i - \mathbf{x}_j}{r_{ij}}$$

Le vecteur directionnel $\frac{\mathbf{x}_i - \mathbf{x}_j}{r_{ij}}$ assure l’équivariance.

2. Agrégation :

$$\Delta \mathbf{s}_i = \sum_j \mathbf{m}_{ij}^s, \quad \Delta \mathbf{V}_i = \sum_j \mathbf{m}_{ij}^v$$

3. Mise à jour équivariante :

$$\begin{aligned} \mathbf{V}'_i &= \mathbf{V}_i + \Delta \mathbf{V}_i + \mathbf{W}_{vv}(\|\mathbf{V}_i\|) \odot \mathbf{V}_i \\ \mathbf{s}'_i &= \mathbf{s}_i + \mathbf{W}_{ss}(\mathbf{s}_i) + \mathbf{W}_{vs}(\|\mathbf{V}_i\|) \end{aligned}$$

Les termes $\|\mathbf{V}_i\|$ (normes des vecteurs) sont scalaires invariants permettant interactions entre features vectorielles et scalaires tout en préservant équivariance.

Propriétés :

- **Équivariance E(3)** : Features vectorielles se transforment correctement sous rotations
- **Prédiction de forces** : Output vectoriel équivariant permet de prédire forces atomiques directement
- **Expressivité** : Features vectorielles capturent direction, orientation locale
- **Performances** : Excellent sur prédiction de forces (MD17, MD22)

Applications :

- Simulation de dynamique moléculaire (prédiction de forces)
- Prédiction de moments dipolaires
- Toute propriété vectorielle moléculaire

Limitations :

- Plus complexe à implémenter que SchNet ou EGNN
- Plus de paramètres (features scalaires + vectorielles)
- Coût computationnel légèrement supérieur

3.5.3.5 Architectures basées sur les harmoniques sphériques

Au-delà de PaiNN, des architectures plus sophistiquées utilisent des représentations tensorielles via harmoniques sphériques pour atteindre une expressivité maximale ([Duval et al., 2024](#)).

NequIP (E(3)-Equivariant Graph Neural Networks) ([Batzner et al., 2022](#)) :

NequIP représente les features de nœuds comme des sommes directes de représentations irréductibles de SO(3) :

$$\mathbf{h}_i = \bigoplus_{l=0}^{L_{\max}} \mathbf{h}_i^{(l)}$$

où $\mathbf{h}_i^{(l)} \in \mathbb{R}^{2l+1}$ transforme selon les harmoniques sphériques de degré l .

Convolution tensorielle :

$$\mathbf{h}_i^{(l'')} = \sum_{j \in \mathcal{N}(i)} \sum_{l,l''} \mathbf{W}_{l,l'',l'} \left(\mathbf{h}_j^{(l)} \otimes Y^{(l'')}(\hat{\mathbf{r}}_{ij}) \right)$$

où \otimes est le produit tensoriel de Clebsch-Gordan, $Y^{(l'')}$ sont les harmoniques sphériques, et $\hat{\mathbf{r}}_{ij}$ est la direction normalisée.

Propriétés :

- **Expressivité maximale** : Représentation complète de toutes les informations géométriques
- **Équivariance SO(3)** : Garantie mathématique stricte
- **Performances** : État de l'art sur MD17 et autres benchmarks de forces

Limitations :

- **Complexité** : $\mathcal{O}(|E| \cdot L_{\max}^6)$ pour les produits de Clebsch-Gordan
- **Implémentation** : Nécessite des bibliothèques spécialisées (e3nn)
- **Interprétabilité** : Représentations tensorielles abstraites

Autres architectures tensorielles :

- **TFN (Tensor Field Networks)** ([Thomas et al., 2018](#)) : Première architecture utilisant les harmoniques sphériques pour les réseaux équivariants à la rotation et translation sur nuages de points 3D
- **Cormorant** ([Anderson, Hy, & Kondor, 2019](#)) : Réseaux moléculaires covariants utilisant convolutions de Clebsch-Gordan pour combinaison de représentations irréductibles
- **SE(3)-Transformers** ([Fuchs, Worrall, Fischer, & Welling, 2020](#)) : Combine le mécanisme d'attention des Transformers avec l'équivariance tensorielle pour les rotations et translations 3D

Pertinence pour les organoïdes :

Pour notre application (classification d'organoïdes), ces architectures tensorielles sont très probablement sur-dimensionnées :

- La géométrie des organoïdes est moins contrainte que celle des molécules
 - L'output scalaire (classe) ne nécessite pas l'équivariance complète
 - Coût computationnel prohibitif pour les grands graphes de 1000+ noeuds
 - Difficulté d'interpréter les représentations tensorielles abstraites
- Des architectures plus simples (EGNN, variantes de SchNet) offrent un meilleur compromis pour notre cas d'usage.

3.5.4 Panorama des GNNs géométriques : enseignements des surveys récents

Deux surveys récents offrent une vue d'ensemble complète du domaine des GNNs géométriques : le "Hitchhiker's Guide to Geometric GNNs" ([Duval et al., 2024](#)) et "A Survey of Geometric Graph Neural Networks" ([Han et al., 2024](#)). Cette sous-section synthétise leurs apports principaux.

3.5.4.1 Taxonomie des approches ([Duval et al., 2024](#))

Duval et al. ([Duval et al., 2024](#)) proposent une classification des GNNs géométriques pour systèmes atomiques 3D selon trois axes :

1. Niveau d'équivariance :

- **Invariance E(3)** : Output scalaire invariant (SchNet, DimeNet)
- **Équivariance E(3)** : Features vectorielles/tensorielles équivariantes (PaiNN, EGNN)
- **Équivariance SE(3)** : Groupe spécial euclidien (rotations propres uniquement, pas de réflexions)

2. Représentation des features :

- **Scalaires uniquement** : Features invariantes $\mathbf{h}_i \in \mathbb{R}^F$
- **Scalaires + Vecteurs** : $(\mathbf{s}_i, \mathbf{V}_i)$ avec $\mathbf{V}_i \in \mathbb{R}^{F \times 3}$
- **Scalaires + Tenseurs d'ordre supérieur** : Harmoniques sphériques, représentations irréductibles

3. Information géométrique utilisée :

- **Distances uniquement** : $r_{ij} = \|\mathbf{x}_i - \mathbf{x}_j\|$
- **Distances + Angles** : Triplets (i, j, k) , angles θ_{ijk}
- **Distances + Vecteurs directionnels** : $\mathbf{r}_{ij} = \mathbf{x}_i - \mathbf{x}_j$
- **Géométrie locale complète** : Frames locaux, coordonnées relatives

3.5.4.2 Design patterns pour GNNs géométriques ([Han et al., 2024](#))

Han et al. ([Han et al., 2024](#)) identifient des patterns de conception récurrents :

Pattern 1 : Invariants comme features de messages

$$\mathbf{m}_{ij} = \phi(\mathbf{h}_i, \mathbf{h}_j, r_{ij}, \theta_{ijk}, \dots)$$

Utiliser uniquement des quantités invariantes (distances, angles, produits scalaires) garantit l'équivariance.

Pattern 2 : Décomposition en produits directs

$$\mathbf{m}_{ij} = \phi_{\text{scalaire}}(\dots) \odot \mathbf{v}_{\text{directionnel}}$$

Séparer coefficient scalaire (apris) et partie directionnelle (géométrique).

Pattern 3 : Frames de référence locaux Construire un repère orthonormé local (e_1, e_2, e_3) pour chaque nœud, exprimer les vecteurs dans ce frame, garantit équivariance si le frame est construit de manière équivariante.

Pattern 4 : Harmoniques sphériques et tenseurs Représenter les features angulaires via harmoniques sphériques $Y_l^m(\theta, \phi)$:

$$\mathbf{h}_i = \bigoplus_{l=0}^{L_{\max}} \mathbf{h}_i^{(l)}$$

où $\mathbf{h}_i^{(l)}$ transforme selon la représentation irréductible de degré l de $\text{SO}(3)$.

3.5.4.3 Trade-offs fondamentaux

Les deux surveys identifient des compromis clés :

Expressivité vs Complexité :

- Scalaires seuls (SchNet) : Simple, $\mathcal{O}(|E|)$, mais limité
- Vecteurs (PaiNN, EGNN) : Plus expressif, $\mathcal{O}(|E| \cdot F)$, coût modéré
- Tenseurs ordre L : Très expressif, $\mathcal{O}(|E| \cdot L^3)$, coûteux

Information géométrique vs Inductive bias :

- Distances seules : Peu d'information, fort biais inductif (invariance $E(3)$)
- + Angles : Information directionnelle, complexité accrue
- + Vecteurs : Équivariance explicite, grande flexibilité

Invariance vs Équivariance :

- **Invariance** : Suffisante pour la prédiction de scalaires (énergie), plus simple
- **Équivariance** : Nécessaire pour la prédiction vectorielle (forces), plus générale

3.5.4.4 Leçons pour les organoïdes

Ces surveys suggèrent plusieurs directions pour notre application aux organoïdes :

1. Choix d'architecture : Pour la classification et la régression (output scalaire), des modèles invariants simples (type EGNN avec des features scalaires) suffisent. L'équivariance complète avec des features vectorielles est de la sur-ingénierie.

2. Information géométrique : Les organoïdes ont une géométrie moins contrainte que les molécules (pas d'angles de liaison fixes). Les distances et les vecteurs directionnels suffisent, pas besoin d'angles explicites.

3. Scalabilité : Avec 50-5000 cellules, la complexité $\mathcal{O}(|E|)$ est critique. Il est préférable de favoriser des approches simples (EGNN, SchNet-like) plutôt que des tenseurs d'ordre élevé.

4. Interprétabilité : Les features scalaires sont plus faciles à interpréter biologiquement que les représentations tensorielles abstraites.

3.5.4.5 État de l'art : performances comparées

Les surveys rapportent des performances sur benchmarks de chimie quantique (QM9, MD17) :

Pour les organoïdes, les différences entre ces architectures sont moins critiques que pour la prédiction d'énergies moléculaires précises.

Modèle	Type	Énergie (MAE)	Forces (MAE)
SchNet	Invariant, scalaires	0.41 eV	-
DimeNet++	Invariant, angles	0.33 eV	-
PaiNN	Équivariant, vecteurs	0.38 eV	0.012 eV/Å
EGNN	Équivariant, vecteurs	0.48 eV	0.019 eV/Å
NequIP	Équivariant, tenseurs	0.22 eV	0.008 eV/Å

TABLE 3.1 – Performances sur QM9 (adapté de Duval et al., 2024)

3.5.5 Applications des GNNs géométriques

3.5.5.1 Chimie quantique

Prédiction de propriétés moléculaires (énergie, forces, dipôles) à partir de structures 3D. Les GNNs équivariants ont atteint des performances proches de DFT (Density Functional Theory) avec un coût computationnel réduit de plusieurs ordres de grandeur.

3.5.5.2 Biologie structurale

Prédiction de structure de protéines : GNNs pour prédire les angles dièdres, les contacts, la structure 3D (AlphaFold2)

Prédiction d'affinité ligand-protéine : Graphes 3D pour le design de molécules

Dynamique moléculaire : GNNs équivariants pour simuler des trajectoires

3.5.5.3 Physique et science des matériaux

Prédiction de propriétés de cristaux, simulation de fluides, prédiction de forces et dynamiques dans systèmes de particules.

3.5.5.4 Vision par ordinateur 3D

Segmentation et classification de nuages de points (LiDAR, scans 3D). Les architectures comme PointNet++, bien que non formellement équivariantes, permettent de capturer des structures géométriques.

3.5.6 Adaptation aux données biologiques cellulaires

L'application de GNNs géométriques aux organoïdes s'inscrit dans un contexte plus large d'utilisation des GNNs en biologie et médecine ([Zhang, Liang, Liu, & Tang, 2021](#); [Lecca & Lecca, 2023](#)). Cette sous-section examine les applications biologiques des GNNs, avec un focus particulier sur l'histopathologie et les tissus cellulaires, domaine le plus proche de notre cas d'usage.

3.5.6.1 GNNs en histopathologie : enseignements du survey de Brussee et al.

Le survey récent de Brussee et al. ([Brussee, Buzzanca, Schrader, & Kers, 2024](#)) "Graph Neural Networks in Histopathology : Emerging Trends and Future Directions" offre une vue d'ensemble des applications des GNNs à l'analyse de tissus biologiques, avec des similitudes frappantes avec

notre problématique organoïdes. Cette revue exhaustive révèle comment la communauté de pathologie computationnelle a progressivement adopté les architectures de graphes pour capturer l’organisation spatiale des tissus, un défi conceptuellement proche de celui posé par l’analyse structurale des organoïdes.

Représentations par graphes en histopathologie :

Brussee et al. identifient trois niveaux de représentation graphique des tissus, formant une hiérarchie de complexité croissante. Au niveau le plus fin, les *graphes cellulaires* (Cell Graphs) représentent chaque cellule individuelle comme un nœud, positionné typiquement au centre de masse ou au noyau cellulaire. Les arêtes entre nœuds encodent la proximité spatiale via différentes stratégies de construction : K plus proches voisins, triangulation de Delaunay, ou connectivité par rayon fixe. Les features associées à chaque nœud capturent la morphologie cellulaire (aire, périmètre, excentricité, convexité), les intensités des marqueurs immunohistochimiques, et potentiellement le type cellulaire si disponible. Cette représentation est **exactement celle que nous utilisons pour les organoïdes**, validant empiriquement notre approche méthodologique.

À un niveau intermédiaire d’abstraction, les *graphes tissulaires* (Tissue Graphs) agrègent les cellules en régions fonctionnelles ou morphologiques : clusters cellulaires, glandes, lobules ou autres structures histologiques identifiables. Chaque région devient un nœud, et les arêtes capturent les relations spatiales entre ces entités de plus haut niveau. Les features de nœuds sont alors des statistiques agrégées calculées sur les populations cellulaires contenues dans chaque région. Cette approche pourrait s’avérer pertinente pour analyser des organoïdes complexes présentant des sous-structures différencierées (par exemple, un organoïde cérébral avec zones ventriculaires et zones corticales distinctes).

Enfin, les *graphes hiérarchiques* (Hierarchical Graphs) exploitent une représentation multi-échelle, où l’information circule entre plusieurs niveaux : cellules individuelles au niveau le plus fin, agrégées en patches locaux, eux-mêmes regroupés en régions, jusqu’au slide histologique complet. Le pooling hiérarchique entre ces niveaux permet de capturer simultanément des patterns locaux (interactions cellule-cellule) et globaux (architecture tissulaire d’ensemble). Cette approche multi-résolution reste toutefois rare en histopathologie, la plupart des études se concentrant sur les graphes cellulaires simples.

Architectures GNN utilisées en histopathologie :

L’analyse quantitative de Brussee et al. révèle une distribution intéressante des architectures employées dans la littérature histopathologique. Les Graph Convolutional Networks (GCN) dominent avec environ 35% des études, privilégiées pour leur simplicité conceptuelle et leur efficacité computationnelle sur de grands graphes cellulaires. Les Graph Attention Networks (GAT) suivent de près avec 30% d’utilisation, leur mécanisme d’attention permettant de pondérer dynamiquement l’importance des cellules voisines — une capacité particulièrement utile dans les tissus hétérogènes où certaines cellules (par exemple tumorales infiltrantes) portent une information diagnostique plus riche. GraphSAGE représente environ 15% des applications, apprécié pour sa scalabilité sur de très grands tissus grâce à son échantillonnage de voisinage. Les Graph Isomorphism Networks (GIN) comptent pour 10%, choisis lorsque l’expressivité maximale est recherchée. Le reste (10%) utilise des architectures de Message Passing personnalisées, adaptées à des contraintes spécifiques.

Une observation clé émerge de cette analyse : les architectures géométriques équivariantes (EGNN, SchNet, PaiNN, et leurs variantes) sont *rarement* utilisées en histopathologie. Cette absence s’explique par plusieurs facteurs convergents. D’abord, les tissus biologiques sont généralement imaginés dans une orientation canonique fixe : les coupes histologiques suivent des plans

anatomiques standardisés, et les lames sont montées selon des conventions établies. L'invariance aux rotations arbitraires n'apporte donc aucun bénéfice pratique. Ensuite, les performances des architectures GNN standards (GCN, GAT) se sont révélées amplement suffisantes pour les tâches de classification tissulaire, rendant inutile la complexité supplémentaire des modèles équivariants. Enfin, le coût computationnel additionnel des GNNs géométriques n'est pas justifié lorsque l'équivariance n'est pas requise.

Cette observation a une implication directe pour notre travail sur les organoïdes : elle suggère qu'une architecture GNN standard (GCN, GAT, GIN) pourrait en principe suffire pour la classification. Cependant, notre utilisation d'EGNN (équivariant) apporte une valeur ajoutée spécifique à notre contexte : contrairement aux sections tissulaires orientées canoniquement, les organoïdes sont cultivés en suspension 3D et imagés dans des orientations arbitraires. Cette différence fondamentale justifie l'emploi d'une architecture respectant l'équivariance $E(3)$, transformant ce qui serait sur-ingénierie en histopathologie en choix architectural pertinent pour les organoïdes.

Tâches et performances :

Le survey de Brussee et al. compile les résultats de plusieurs dizaines d'études, révélant le spectre d'applications et les niveaux de performance atteints par les GNNs en pathologie computationnelle. Pour la prédiction de survie des patients à partir de l'architecture tissulaire, les modèles GNN atteignent typiquement des C-index entre 0.65 et 0.75, surpassant significativement les approches basées sur des features morphologiques manuellement définies. La classification de sous-types tumoraux représente une application majeure, avec des accuracy de 85-95% rapportées sur des cancers colorectaux, du sein et de la prostate — des performances comparables aux diagnostics de pathologistes experts. Les GNNs montrent également leur utilité pour prédire la réponse thérapeutique à partir de biopsies pré-traitement, avec des aires sous courbe ROC (AUC) de 0.70-0.85, ouvrant des perspectives pour la médecine personnalisée. Enfin, la détection de métastases dans les ganglions lymphatiques atteint des accuracy de 90-95%, souvent en servant de système d'aide au diagnostic pour réduire la charge de travail des pathologistes.

Ces performances sont encourageantes pour notre travail : l'accuracy de 90-95% que nous visons pour la classification d'organoïdes se situe dans la fourchette haute des résultats histopathologiques, suggérant que cet objectif est réaliste avec des architectures GNN appropriées et des données de qualité suffisante.

Défis identifiés (directement pertinents pour nous) :

Brussee et al. identifient plusieurs défis méthodologiques et pratiques qui résonnent directement avec les problématiques rencontrées dans notre travail sur organoïdes. Le premier concerne la *construction des graphes* elle-même : le choix du paramètre K dans l'algorithme K-NN, ou du rayon de connectivité dans les approches par distance, influence significativement les performances finales. Les auteurs recommandent d'explorer K entre 5 et 10 pour les tissus biologiques, et surtout d'évaluer plusieurs configurations par validation croisée plutôt que de fixer arbitrairement ce paramètre. Cette recommandation s'applique directement à nos graphes cellulaires d'organoïdes.

L'*hétérogénéité des features* constitue un deuxième défi majeur. Les features morphologiques (aires, périmètres, formes) et les intensités de marqueurs fluorescents opèrent sur des échelles très différentes, rendant la normalisation essentielle — typiquement via z-scores calculés pour chaque feature indépendamment. De plus, la présence de features fortement corrélées peut induire de la redondance ; une réduction de dimensionnalité (PCA, sélection de features) peut s'avérer bénéfique dans ces cas.

Le *déséquilibre de classes* apparaît fréquemment en pathologie, où certains sous-types tumoraux sont rares comparés à d'autres. Les solutions incluent l'over/under-sampling, l'utilisation de fonctions de loss pondérées par l'inverse de la fréquence des classes, ou encore la data augmentation ciblée sur les classes minoritaires. Ce défi est directement pertinent pour nos organoïdes, où certaines lignées ou conditions expérimentales peuvent être sous-représentées.

L'*interprétabilité* des modèles est cruciale en contexte médical pour garantir l'acceptation clinique et la confiance des utilisateurs. Les techniques comme GNNExplainer (qui identifie les sous-graphes les plus informatifs), l'analyse des poids d'attention (dans les GAT), ou la visualisation de l'importance des cellules individuelles permettent de relier les prédictions du modèle à des patterns biologiques interprétables. Cette validation biologique des patterns appris est indispensable pour dépasser le statut de "boîte noire" et comprendre ce que le réseau a effectivement capturé.

Enfin, la *généralisation inter-cohortes* représente un défi récurrent : les modèles entraînés sur des données d'un laboratoire ou protocole donné peuvent mal performer sur des données issues d'autres sources, en raison de variations dans les protocoles de coloration, les scanners utilisés, ou les procédures de préparation. Les stratégies de normalisation de domaine, le fine-tuning sur des petits ensembles de données de la nouvelle cohorte, ou l'adversarial training pour rendre les représentations invariantes au domaine sont des pistes explorées pour améliorer la robustesse.

Leçons pour notre travail sur organoïdes :

Cette analyse détaillée de l'état de l'art histopathologique apporte plusieurs enseignements directement exploitables pour notre recherche. D'abord, elle valide fondamentalement notre approche : les Cell Graphs, représentation exacte que nous utilisons, sont l'approche dominante et la plus efficace en pathologie computationnelle pour capturer l'organisation spatiale cellulaire. Ensuite, concernant les architectures, les GNN standards (GCN, GAT, GIN) ont démontré leur suffisance pour les tâches de classification tissulaire. Notre comparaison systématique d'architectures (GAT, DeepSets, EGNN) révèle des trade-offs intéressants : GAT offre les meilleures performances brutes grâce à son mécanisme d'attention, tandis qu'EGNN apporte une équivariance géométrique formelle justifiée par la nature 3D et l'orientation arbitraire des organoïdes en suspension — un avantage absent en histopathologie 2D.

3.5.6.2 Autres applications biologiques des GNNs

Au-delà de l'histopathologie, les GNNs trouvent des applications dans plusieurs domaines biologiques et médicaux, chacun avec ses spécificités en termes de construction de graphes et de tâches prédictives. En neurosciences (Luo et al., 2024; Bessadok, Mahjoub, & Rekik, 2022), les GNNs opèrent sur des graphes de connectivité cérébrale construits à partir d'imagerie par résonance magnétique fonctionnelle (fMRI) ou de tractographie (DTI). Chaque région cérébrale constitue un noeud, et les connexions fonctionnelles ou structurelles forment les arêtes. Ces modèles permettent de prédire des troubles neurologiques comme la maladie d'Alzheimer ou les troubles du spectre autistique, et d'identifier des biomarqueurs de connectivité pathologique. Contrairement à nos graphes spatiaux d'organoides, ces graphes cérébraux sont abstraits : la topologie reflète des corrélations fonctionnelles plutôt qu'une proximité physique.

L'analyse single-cell (Shahir, Stanley, & Purvis, 2024) représente un autre domaine d'application prometteur. Ici, les graphes encodent la similarité entre cellules individuelles mesurée par séquençage d'ARN (RNA-seq). Chaque cellule devient un noeud caractérisé par un vecteur d'expression génique de haute dimension (typiquement 2000-5000 gènes), et les arêtes connectent des

cellules au profil transcriptomique proche. Les GNNs facilitent le clustering cellulaire, l’inférence de trajectoires développementales, et l’identification de types cellulaires. Des approches comme Celograph proposent des méthodes semi-supervisées pour analyser simultanément des cellules issues de conditions expérimentales multiples. Bien que ces graphes soient aussi cellulaires comme les nôtres, ils opèrent dans un espace de features abstraites (expression génique) plutôt que dans l’espace physique 3D.

Enfin, en biologie des réseaux (Zhang et al., 2021), les GNNs analysent des réseaux d’interactions moléculaires : réseaux protéine-protéine où chaque protéine est un noeud et les interactions physiques ou fonctionnelles forment les arêtes, réseaux métaboliques, ou réseaux de régulation génique. Ces modèles permettent de prédire des fonctions géniques inconnues par propagation d’annotations dans le réseau, ou d’identifier des cibles thérapeutiques potentielles en analysant les interactions drogue-protéine. Ces applications illustrent la polyvalence des GNNs au-delà des graphes spatiaux, mais s’éloignent conceptuellement de notre problématique d’analyse morphologique d’organoïdes.

3.5.6.3 Spécificités des organoïdes vis-à-vis des autres données biologiques

Notre application aux organoïdes présente des caractéristiques uniques qui justifient certains choix architecturaux et méthodologiques, tout en s’inscrivant dans un continuum d’approches GNN pour données biologiques.

En termes d’*échelle et densité*, les organoïdes occupent une position intermédiaire. Typiquement composés de 50 à 5000 cellules avec une densité variable et une organisation en clusters, ils sont plus petits que les images histopathologiques standards (1000 à 100000 cellules par champ, densité élevée et relativement uniforme) mais comparables aux graphes single-cell (1000 à 50000 cellules, bien que ces derniers soient des graphes abstraits de similarité plutôt que spatiaux). Cette échelle modérée rend les GNNs particulièrement appropriés : suffisamment de cellules pour capturer des patterns structuraux complexes, mais pas au point de nécessiter des stratégies d’échantillonnage intensif comme GraphSAGE.

La *géométrie 3D native* constitue sans doute la spécificité la plus marquante des organoïdes. Contrairement à l’histopathologie, qui analyse des sections 2D de tissus 3D avec une perte inévitable d’information le long de l’axe Z, nos données d’organoïdes capturent la vraie structure tridimensionnelle via microscopie confocale ou light-sheet. Cette géométrie 3D complète justifie pleinement l’utilisation de GNNs géométriques équivariants, capables d’exploiter les coordonnées spatiales et de respecter l’invariance aux transformations euclidiennes. En histopathologie 2D, cette équivariance géométrique serait sur-dimensionnée ; pour les organoïdes en suspension 3D, elle devient un atout architectural majeur.

Concernant les *features*, les organoïdes combinent des descripteurs morphologiques cellulaires (aires, volumes, excentricités) et des intensités multicanal continues provenant de marqueurs fluorescents. Cette nature hybride est similaire à l’histopathologie (couleur RGB, marqueurs immunohistochimiques), mais contraste avec les graphes single-cell où les features sont des vecteurs d’expression génique de très haute dimension (2000-5000 dimensions, souvent sparse). Notre espace de features est donc modérément dimensionnel (typiquement 10-50 features par cellule) et dense, facilitant l’apprentissage avec des architectures GNN standards.

La *taille du dataset* représente une contrainte importante. Notre dataset comprend 500 organoïdes bien différenciés sélectionnés parmi 2272 organoïdes extraits. Bien que substantiel pour un dataset académique de biologie, ce nombre demeure modeste comparé aux études histopatholo-

giques à large échelle (typiquement 10000 à 100000 slides) ou même aux datasets single-cell (10 à 100 échantillons mais contenant chacun des milliers de cellules analysables indépendamment). Cette limitation souligne la nécessité de stratégies de data augmentation efficaces et l'intérêt du pré-entraînement sur données synthétiques — une approche que nous explorons dans ce travail.

L'*orientation arbitraire* des organoïdes en suspension 3D constitue un différentiateur clé par rapport à l'histopathologie. Les lames histologiques sont montées selon des conventions anatomiques standardisées, éliminant le besoin d'invariance aux rotations. Les organoïdes, eux, sont imaginés dans des orientations aléatoires dictées par leur position dans le milieu de culture. Cette variabilité orientationnelle inhérente rend l'équivariance $E(3)$ non seulement utile mais pratiquement indispensable pour des performances robustes, sans recourir à une augmentation de données exhaustive par rotations.

Enfin, l'*interprétabilité biologique* des résultats revêt une importance capitale. Pour les organoïdes comme en histopathologie, les cellules individuelles sont identifiables visuellement, et les patterns morphologiques appris par le réseau peuvent être interprétés et validés par des biologistes. Cette interprétabilité directe contraste avec les graphes single-cell, où l'interprétation passe par des voies biologiques abstraites et des ontologies géniques. La possibilité de visualiser quelles cellules ou quelles régions de l'organoïde contribuent le plus à la prédiction (via GNNExplainer ou attention maps) offre une validation biologique indispensable et renforce la confiance dans les modèles.

CHAPITRE 4

Méthodologie et pipeline de traitement

Ce chapitre décrit en détail la méthodologie proposée pour l’analyse automatisée d’organoïdes 3D via Graph Neural Networks. Nous présentons le pipeline complet depuis l’acquisition d’images jusqu’à la prédiction de phénotypes, en justifiant les choix effectués à chaque étape.

4.1 Architecture générale du pipeline

4.1.1 Vue d’ensemble

Notre pipeline transforme des images 3D brutes d’organoides en prédictions de phénotypes via une séquence d’étapes automatisées (Figure [À compléter]). Le flux de données est le suivant :

1. **Input** : Image 3D confocale (~ 2 Go, $2048 \times 2048 \times 200$ voxels)
2. **Prétraitement** : Normalisation, débruitage, correction \rightarrow Image nettoyée
3. **Segmentation** : Faster Cellpose \rightarrow Masques de segmentation (labels par cellule)
4. **Extraction features** : Calcul propriétés morphologiques \rightarrow Table de features cellulaires
5. **Clustering spatial** : DBSCAN \rightarrow Séparation des organoïdes individuels
6. **Construction graphes** : epsilon-K-NN \rightarrow Graphes géométriques (~ 10 Mo)
7. **Classification GNN** : GNN \rightarrow Prédiction de phénotype et explicabilité
8. **Output** : Labels prédits, scores de confiance, cellules importantes

Cette pipeline réduit la dimensionnalité de $1000 \times$ (Go \rightarrow Mo) tout en préservant l’information structurelle biologiquement pertinente.

4.1.2 Choix de conception et compromis

Chaque étape de notre pipeline résulte de choix méthodologiques minutieusement motivés par des contraintes scientifiques, techniques et pratiques. Ces choix impliquent inévitablement des compromis que nous explicitons et justifions ici.

4.1.2.1 Segmentation instance-based vs semantic

Nous avons opté pour une segmentation d’instances, où chaque cellule individuelle reçoit un label unique, plutôt qu’une segmentation sémantique qui se contenterait de distinguer des catégories de cellules sans individualiser chaque objet. Ce choix est dicté par la nature même des graphes,

qui requièrent des noeuds discrets et identifiables. L'identité individuelle de chaque cellule s'avère cruciale pour modéliser les relations spatiales et fonctionnelles entre cellules voisines — le cœur de l'approche par graphes. Une segmentation purement sémantique, bien que potentiellement plus rapide et robuste, ne fournirait pas la granularité nécessaire pour construire des graphes cellulaires exploitables, perdant l'information topologique fine qui constitue notre principale richesse analytique.

4.1.2.2 Représentation graphe vs image brute

La décision d'abstraire les organoïdes en graphes plutôt que de traiter directement les images volumétriques brutes constitue un choix architectural fondamental de cette thèse. Cette abstraction graphique apporte plusieurs avantages substantiels. D'abord, une compression spectaculaire : une réduction mémoire d'un facteur 1000 permet de stocker et manipuler des milliers d'échantillons sur du matériel standard. Ensuite, l'expressivité : le graphe capture explicitement les relations cellulaires (voisinage, distances, interactions) de manière structurée, là où une image ne présente qu'un champ d'intensités continues. Les invariances géométriques deviennent naturelles : rotation, translation et réflexion s'intègrent élégamment dans le formalisme graphique, particulièrement avec les architectures équivariantes. Enfin, l'interprétabilité : chaque noeud correspondant à une cellule identifiable, on peut remonter des prédictions du modèle aux cellules individuelles responsables, offrant une explicabilité biologiquement significative.

Ces avantages s'accompagnent toutefois de compromis qu'il convient de reconnaître. La qualité du graphe dépend intrinsèquement de la qualité de la segmentation en amont : toute erreur de segmentation se propage et contamine l'analyse ultérieure. L'abstraction graphique implique également une perte d'information sub-cellulaire — textures intra-cellulaires, gradients d'intensité locaux, organisation des organelles — qui pourrait porter des signatures phénotypiques subtiles. Enfin, la construction du graphe elle-même introduit des choix paramétriques (nombre de voisins K, rayon de connectivité) qui influencent les performances et nécessitent une exploration systématique. Malgré ces limitations, nous considérons que les bénéfices de l'approche graphique surpassent largement ses coûts, particulièrement dans notre contexte d'organoïdes 3D où la structure spatiale multi-échelle prime sur les détails texturaux fins.

4.1.2.3 Graphes vs approches ensemblistes (DeepSets/PointNet)

Une alternative intermédiaire entre images brutes (CNN) et graphes (GNN) consiste à représenter chaque organoïde comme un nuage de points — ensemble de positions cellulaires 3D avec features — traité par des architectures invariantes aux permutations comme DeepSets ([Zaheer et al., 2017](#)) ou PointNet ([Qi, Su, et al., 2017](#)). Cette approche évite le coût mémoire des images volumétriques tout en garantissant l'invariance aux permutations (l'ordre de traitement des cellules n'affecte pas la prédiction).

Limitations pour notre contexte :

Malgré leur élégance théorique, ces approches présentent une limitation fondamentale : l'agrégation globale. Dans DeepSets, chaque élément est encodé indépendamment ($\phi(x_i)$) puis agrégé globalement ($\rho(\sum_i \phi(x_i))$). Aucune information sur les relations de voisinage spatial n'est explicitement capturée. Chaque cellule est traitée isolément avant l'agrégation finale.

Pour les organoïdes, cette limitation est critique. La structure spatiale locale — quelles cellules sont adjacentes, comment elles s’organisent en couches, où se forme le lumen — est biologiquement déterminante pour le phénotype. Par exemple :

- La polarisation apico-basale dépend des contacts cellule-cellule (jonctions adhérentes)
- La formation du lumen requiert une coordination spatiale localisée
- La différenciation cellulaire est influencée par la signalisation paracrine des voisines directes
- Les patterns de prolifération exhibent une corrélation spatiale locale

Un modèle DeepSets/PointNet, en agrégant globalement, rate ces patterns locaux critiques. En revanche, les GNNs propagent l’information itérativement via des voisinages structurés ($\sum_{j \in \mathcal{N}(i)} \psi(h_j)$), capturant explicitement les dépendances spatiales.

PointNet++ et convergence vers les graphes :

PointNet++ (Qi, Yi, et al., 2017) adresse partiellement cette limitation via des agrégations locales hiérarchiques (set abstraction layers), se rapprochant conceptuellement des GNNs. Cependant, les voisinages sont définis par la distance euclidienne fixe à chaque couche, nécessitant de coûteuses recherches spatiales répétées. Les GNNs construisent le graphe une fois en amont puis réutilisent cette structure statique, offrant efficacité et contrôle précis de la topologie (K-NN adaptatif, seuils de distance).

Choix justifié :

Pour notre application, les GNNs offrent le meilleur compromis : compression mémoire (comme DeepSets), capture explicite de la structure spatiale locale (contrairement à DeepSets), efficacité computationnelle (graphe pré-construit), et équivariance géométrique formelle (EGNN). Les ablations du Chapitre 5 confirmeront empiriquement la supériorité des GNNs sur les baselines DeepSets.

4.1.2.4 EGNN vs GNN standard

Notre choix d’architectures équivariantes au groupe euclidien E(3), notamment EGNN, plutôt que de GNN standards (GCN, GAT) mérite justification. Les organoïdes cultivés en suspension 3D n’ont aucune orientation absolue privilégiée : leur position et orientation dans le milieu de culture sont entièrement aléatoires, dictées par les conditions physiques locales lors de l’ensemencement. Cette absence d’orientation canonique rend l’équivariance géométrique non pas simplement utile, mais véritablement indispensable pour des performances robustes. Un modèle équivariant garantit par construction que la prédiction reste identique quelle que soit l’orientation de l’organoïde dans l’espace — une propriété qu’un GNN standard devrait apprendre laborieusement via des augmentations de données exhaustives. Cette équivariance structurelle améliore également l’efficacité de l’utilisation des données : le modèle n’a pas besoin d’observer toutes les rotations possibles pour généraliser, réduisant les besoins en données annotées. Les études d’ablation présentées au Chapitre 5 quantifieront précisément le gain de performance apporté par l’équivariance comparé aux baselines standards.

4.1.3 Considérations pratiques

4.1.3.1 Temps d’exécution

L’efficacité computationnelle du pipeline constitue un critère essentiel pour son adoption pratique. Sur une configuration standard (CPU Intel Core i7, GPU NVIDIA RTX 3080), le traitement d’un organoïde typique se décompose temporellement comme suit. Le prétraitement de l’image

(normalisation, débruitage, corrections) s'exécute en moins d'une seconde sur CPU, tirant parti d'implémentations vectorisées efficaces. La segmentation cellulaire via Faster Cellpose requiert environ 20 minutes sur GPU selon la taille de l'organoïde — un temps considérablement réduit comparé aux 2.5 heures du Cellpose original. L'extraction des features morphologiques et intensimétriques opère rapidement en 1 à 2 secondes (CPU), suivie de la construction du graphe qui s'exécute en moins d'une seconde grâce aux structures de données spatiales efficaces (k-d trees). Enfin, l'inférence GNN elle-même ne prend qu'une fraction de seconde (moins de 0.1 sec) lorsque les graphes sont traités en batch sur GPU.

Le temps total s'établit ainsi à approximativement 20 minutes par organoïde, dominé par la segmentation cellulaire. L'avantage majeur du pipeline automatisé réside dans sa capacité à traiter des dizaines d'organoïdes en parallèle de manière non supervisée sur infrastructure GPU multicartes ou cluster de calcul. Cette parallélisation massive, combinée à l'automatisation complète (aucune intervention humaine requise) et à la reproductibilité parfaite des prédictions (élimination de la variabilité inter/intra-observateur), rend envisageable le criblage à haut débit de milliers d'organoïdes et ouvre des perspectives pour des études statistiquement puissantes à l'échelle de larges cohortes.

4.1.3.2 Scalabilité

L'architecture du pipeline a été conçue pour une parallélisation naturelle et efficace. Chaque organoïde constituant une unité de traitement indépendante, le pipeline peut traiter simultanément de multiples échantillons sans aucune dépendance ou communication inter-processus. Le batching de graphes pour l'inférence GNN exploite pleinement le parallélisme massif des GPUs modernes via le formalisme de graphes disjoints de PyTorch Geometric. Le déploiement sur clusters de calcul devient ainsi trivial : la charge de travail se distribue simplement entre nœuds de calcul sans nécessiter d'orchestration complexe.

Concrètement, pour traiter 1000 organoïdes, un workflow séquentiel sur une seule GPU nécessiterait approximativement 330 heures (environ 14 jours). Avec un déploiement parallèle sur 20 GPUs, ce temps se réduit à environ 17 heures, rendant praticable le retraitement complet d'un dataset dans des délais raisonnables. Cette scalabilité s'est révélée cruciale lors de nos campagnes d'ablation et d'optimisation d'hyperparamètres, où des centaines de configurations devaient être évaluées sur l'ensemble du dataset.

4.2 Acquisition et prétraitement des images

4.2.1 Notre dataset collaboratif d'organoïdes de prostate

4.2.1.1 Contexte et partenariats

Dans le cadre du projet ANR Morpheus et en collaboration avec l'IPMC (Nice) et l'équipe Metatox (Université Paris Cité), nous avons constitué un dataset d'organoïdes de prostate acquis entre mai 2023 et février 2025.

4.2.1.2 Caractéristiques du dataset

Notre dataset constitue une ressource substantielle pour la recherche sur organoïdes, fruit de 22 mois de collecte continue entre mai 2023 et février 2025. Le volume total comprend 1311

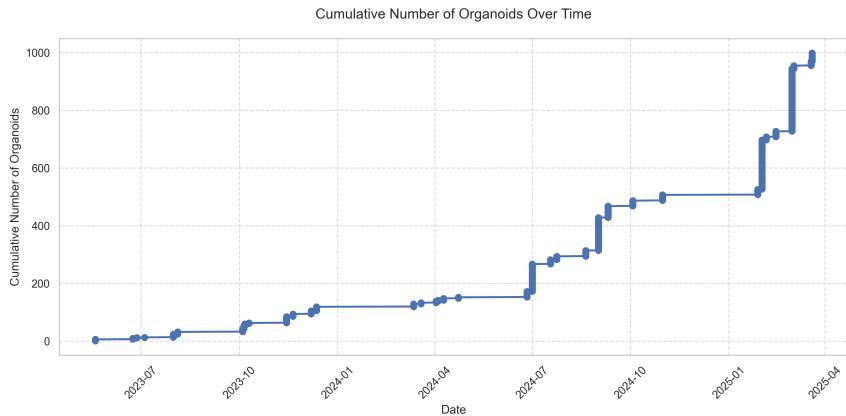


Figure 4.1 – Évolution cumulative du nombre d’échantillons acquis au cours du temps (mai 2023 - février 2025).

échantillons imagés, dont l’analyse par clustering DBSCAN a permis d’extraire approximativement 2272 organoïdes individuels — reflétant la présence moyenne de 1.7 organoïdes par champ de vue. Pour cette étude, nous avons sélectionné 500 organoïdes bien différenciés présentant une concordance claire entre leur label batch et leur morphologie observée, les 1772 organoïdes restants (présentant une incohérence suspectée entre label et phénotype réel) étant réservés pour des approches non supervisées futures. Le pipeline génère environ 10310 fichiers au total, incluant les images TIF originales, les graphes au format JSON, et diverses visualisations PNG pour le contrôle qualité. En termes de stockage, les graphes compressés ne nécessitent qu’environ 200 Mo malgré leur richesse informationnelle, tandis que les images brutes volumétriques occupent approximativement 1To — illustrant une fois de plus la compression spectaculaire offerte par l’abstraction graphique.

4.2.1.3 Phénotypes et distribution

Deux phénotypes majeurs d’organoïdes de prostate dominent notre dataset et constituent le focus de notre étude, reflétant les architectures morphologiques les plus fréquemment observées dans les cultures d’organoïdes prostatiques.

Le phénotype *Cystique* (Cystic) représente le phénotype sain de référence avec 528 échantillons (40.3%), correspondant à environ 817 organoïdes individuels. Ces organoïdes se distinguent par la formation de kystes ou cavités internes, créant une structure creuse bordée d’un épithélium polarisé — une architecture rappelant les structures glandulaires natives et témoignant d’une différenciation cellulaire appropriée. Au niveau de la distribution cellulaire, ce phénotype présente une répartition spatiale régulière et homogène, avec un espacement inter-cellulaire relativement uniforme caractéristique d’un processus proche du Poisson homogène ou d’un clustering très modéré. Cette organisation spatiale ordonnée reflète une morphogenèse tissulaire normale.

Le phénotype *Choux-fleurs* (Cauliflower-like) constitue la classe perturbée majoritaire avec 732 échantillons (approximativement 55.9%), correspondant à environ 1404 organoïdes individuels. Ces structures présentent une morphologie caractéristique en "chou-fleur" avec une surface fortement irrégulière parsemée de bourgeons multiples, évoquant une prolifération active et désorganisée. Au niveau cellulaire, ce phénotype se caractérise par une agrégation spatiale marquée : les

cellules forment des clusters locaux denses séparés par des régions de densité moindre, créant une hétérogénéité spatiale prononcée. Cette organisation désordonnée rappelle les processus de Matérn cluster avec un fort coefficient d’agrégation et témoigne d’une perturbation des mécanismes normaux de différenciation et d’organisation tissulaire.

Ces deux phénotypes représentent ensemble 96.2% du dataset et constituent notre problème de classification binaire principal : distinction entre le phénotype sain (cystique) et le phénotype perturbé (choux-fleurs). Bien que d’autres phénotypes minoritaires (compact, kératinisé) soient occasionnellement observés, leur rareté et leur variabilité limitent leur exploitation pour l’entraînement de modèles robustes, et nous les avons exclus de l’étude présente pour nous concentrer sur cette distinction biologiquement pertinente et statistiquement bien posée.

4.2.1.4 Tâches d’apprentissage

Au-delà de la classification de phénotypes, notre pipeline adresse une seconde tâche complémentaire : la régression de la déformation morphologique.

Classification binaire (tâche principale) : Distinction choux-fleurs vs cystiques sur les données réelles. Cette tâche de classification supervisée constitue l’objectif applicatif principal, avec des métriques d’évaluation incluant accuracy, F1-score, et matrices de confusion.

Régression du coefficient de clustering (tâche auxiliaire) : Sur les données synthétiques, nous entraînons les modèles à prédire le coefficient de clustering global du graphe — une variable continue dans $[0, 1]$ caractérisant le degré d’agrégation spatiale. Ce coefficient, défini comme la moyenne des coefficients de clustering locaux $\bar{C} = \frac{1}{N} \sum_{i=1}^N C_i$ où C_i mesure la densité de triangles autour du nœud i , quantifie la tendance des cellules voisines à former des triades fermées. Pour les organoïdes générés par processus de Poisson homogène, $\bar{C} \approx 0$ (répartition aléatoire), tandis que pour les processus de Matérn avec forte agrégation, $\bar{C} \rightarrow 1$ (clusters denses). Cette tâche de régression sert de pré-entraînement auto-supervisé : le modèle apprend à extraire des représentations géométriques fines des patterns spatiaux cellulaires, représentations qui se transforment ensuite efficacement à la classification de phénotypes réels. L’erreur quadratique moyenne (MSE) et le coefficient de détermination R^2 servent de métriques d’évaluation pour cette tâche.

Régression de la déformation morphologique (données réelles) : Pour les organoïdes réels, nous annotons également un score de déformation continue capturant le degré d’irrégularité morphologique — une mesure quantitative de l’écart par rapport à une sphère idéale. Cette métrique varie continûment entre les extrêmes cystiques (déformation faible, score 0) et choux-fleurs (déformation forte, score 1). La régression de ce score offre une granularité supérieure à la classification binaire, permettant de capturer les phénotypes intermédiaires et de quantifier finement les variations morphologiques intra-classe. Cette tâche utilise également la MSE comme loss et le R^2 comme métrique d’évaluation.

Ces trois tâches (classification binaire, régression synthétique, régression réelle) partagent le même encodeur GNN mais utilisent des têtes de prédiction différentes, permettant un entraînement multi-tâches optionnel ou séquentiel selon la stratégie adoptée.

4.2.1.5 Protocole d’acquisition standardisé

Conditions de culture :

- **Timing** : Analyse au 7ème jour de culture (J7)
- **Marquage** : Noyaux + marqueurs spécifiques selon phénotype

Paramètres d’imagerie :

- **Magnifications** : 20× (organoïdes cystiques de grande taille) ou 40× (standard)
- **Format** : Images 8-bit TIFF
- **Résolution** : 2048×2048 pixels (XY), 100-300 slices (Z)

4.2.1.6 Pipeline de traitement et fichiers générés

Chaque échantillon est traité via un pipeline automatisé générant plusieurs fichiers :

Fichiers de base (fixes) :

- raw_*.tif : Image brute microscopique (peut contenir plusieurs organoïdes)
- cropped_mask_*.tif : Masque de segmentation (labels cellulaires)
- pointcloud_*.json : Nuage de points 3D de toutes les cellules
- fullyconnected_*.json : Graphe complet entre toutes les cellules
- centroids_*.png : Visualisation des centroides
- clusters_*.png : Visualisation du clustering DBSCAN

Fichiers par organoïde (variables) :

- graph_N_*.json : Graphe de l’organoïde N (N = 1, 2, 3, ...)
- graph_N_*.png : Visualisation du graphe de l’organoïde N

Le nombre de fichiers varie selon le nombre d’organoïdes détectés par DBSCAN :

- **Base fixe** : 6 fichiers
- **Par organoïde** : +2 fichiers
- **Exemple** : 4 organoïdes détectés → 6 + 4×2 = 14 fichiers totaux

4.2.1.7 Convention de nommage**Format 2023 (standard) :**

YYYYMMDD_Noyau_org[N]
Exemple : 20230804_Noyau_org1

Format 2024 (étendu Paris) :

YYYY_MM_DD_[LIEU]_Noyau_Org_[N]_[phenotype]_J7_[magnification]_8bit
Exemple : 2024_07_18_PARIS_Noyau_Org_11_compact_J7_40X_8bit

Format 2024-2025 (Nice) :

YYYYMM_Nice_orga[N]_[index]
Exemple : 202502_Nice_orga0_1

4.2.1.8 Métadonnées JSON

Chaque fichier JSON contient des métadonnées structurées :

```
{
  "nodes": [
    {
      "cell_id": 1,
      "x": 531.305,
```

```

    "y": 152.108,
    "z": 12.987,
    "volume": 41644
  },
  ...
],
"edges": [...],
"metadata": {
  "organoid_name": "20230804_Noyau_org1",
  "phenotype": "Cystique"
}
}

```

Informations capturées :

- Coordonnées spatiales 3D de chaque cellule
- Volume cellulaire
- Identifiants uniques de chaque cellule
- Connectivité entre cellules voisines
- Phénotype annoté

4.2.1.9 Statistiques de taille

Distribution du nombre de cellules par organoïde :

- **Minimum** : 20 cellules (seuil DBSCAN, filtre débris)
- **Maximum** : 5,000 cellules (exclusion agrégats aberrants)
- **Moyenne** : 250 cellules/organoïde
- **Médiane** : 180 cellules/organoïde
- **Distribution** : Log-normale (queue lourde vers grandes tailles)
- **Nombre moyen d'organoïdes par échantillon** : 1.7 organoïdes/échantillon (variation : 1-6, dépend de la densité de culture et du champ de vue)

4.2.1.10 Usage pour l'entraînement

Splits train/val/test : Stratification par phénotype pour préserver les distributions (sur les 500 organoïdes sélectionnés) :

- **Train** : 70% (350 organoïdes)
- **Validation** : 15% (75 organoïdes)
- **Test** : 15% (75 organoïdes)

Équilibrage des classes :

La sélection de 250 organoïdes par classe assure un parfait équilibre, éliminant les problèmes de déséquilibre de classes et permettant un apprentissage sans biais. Cette stratégie simplifie l'entraînement et garantit des performances équitables sur les deux phénotypes.

Ce dataset, bien que modeste (500 organoïdes) comparé aux standards du deep learning (ImageNet : 14M images), est substantiel pour le domaine des organoïdes. Nous pallions cette limitation via la génération de données synthétiques (Section 4.6) et le transfer learning.

4.2.2 Normalisation d'intensité

Les intensités brutes varient selon les conditions d'acquisition (puissance laser, gain PMT, efficacité de marquage). Une normalisation est cruciale pour la robustesse.

4.2.2.1 Normalisation par percentiles

Plutôt qu'une normalisation min-max sensible aux outliers :

$$I_{\text{norm}} = \frac{I - P_1}{P_{99} - P_1}$$

où P_1 et P_{99} sont les 1er et 99e percentiles de l'intensité. Cette méthode est robuste aux pixels aberrants.

4.2.2.2 Correction de fond

Le fond non-uniforme (autofluorescence, lumière diffusée) est estimé par un filtrage morphologique puis soustrait : $I_{\text{corr}} = I - I_{\text{fond}}$.

4.2.3 Débruitage

4.2.3.1 Sources de bruit

Bruit photonique : Fluctuations quantiques de photons (Poisson)

Bruit de lecture : Électronique du détecteur (Gaussien)

Bruit de fond : Autofluorescence, lumière ambiante

4.2.3.2 Filtrage médian 3D

Le filtre médian remplace chaque voxel par la médiane de son voisinage 3D. Excellent pour réduire le bruit impulsionnel (salt-and-pepper) tout en préservant les arêtes.

4.2.3.3 Filtrage gaussien

Convolution avec noyau gaussien 3D :

$$I_{\text{filt}}(\mathbf{x}) = \int I(\mathbf{y}) \mathcal{N}(\mathbf{y}; \mathbf{x}, \sigma^2 \mathbf{I}) d\mathbf{y}$$

Efficace pour le bruit gaussien mais lisse également les structures fines. Compromis via le paramètre σ .

4.2.3.4 Choix pour notre pipeline

Nous appliquons séquentiellement :

1. Filtre médian $3 \times 3 \times 3$ pour le bruit impulsionnel
2. Filtre gaussien léger ($\sigma = 0.5$ voxels) pour le bruit résiduel

Ce compromis préserve les détails cellulaires tout en améliorant le rapport signal sur bruit.

4.3 Segmentation cellulaire automatisée

La segmentation cellulaire constitue une étape critique, transformant l'image brute en objets discrets (cellules) analysables individuellement.

4.3.1 Revue et comparaison des méthodes

Nous avons évalué systématiquement plusieurs méthodes de segmentation sur un sous-ensemble annoté manuellement de 50 organoïdes (3000 cellules). Pour une revue complète des méthodes de segmentation cellulaire et leurs applications au diagnostic, voir ([Nunes, Montezuma, Oliveira, Pereira, & Cardoso, 2024](#); [Rayed et al., 2024](#); [Wang et al., 2022](#)).

4.3.1.1 Watershed classique

Algorithme :

1. Détection de markers (maxima locaux après filtrage)
2. Marker-controlled watershed sur gradient morphologique
3. Post-traitement (suppression petits objets, fusion)

Analyse : Sur-segmentation fréquente (faux positifs), nécessite tuning manuel des seuils par dataset. Moins robuste que les approches deep learning. Non retenu pour notre pipeline final.

4.3.1.2 StarDist

Principe : Déetecte les centroides cellulaires puis prédit des distances radiales dans 96 directions uniformément distribuées, définissant un polyèdre star-convexe ([Schmidt et al., 2018](#)).

Résultats sur 50 coupes annotées :

- Précision : 0.97
- Rappel : 0.75
- F1-score : 0.85
- Temps : 5 sec/coupe

Analyse : StarDist se distingue par une excellente précision dans la détection des noyaux cellulaires, bien que son rappel soit plus limité. Cette méthode s'avère particulièrement efficace lorsque les noyaux présentent des formes convexes, mais elle rencontre des difficultés dès lors que les morphologies deviennent irrégulières ou très allongées, c'est-à-dire lorsque les objets à segmenter ne sont plus star-convexes. De plus, StarDist s'avère sensible à la densité cellulaire élevée, ce qui entraîne des problèmes lors du traitement d'images avec de nombreux chevauchements entre noyaux. Plusieurs études comparatives ([Weigert & Schmidt, 2022](#); [Kleinberg, Wang, Comellas, Monaghan, & Shefeline, 2022](#)) confirment l'intérêt et la polyvalence de StarDist dans divers contextes d'imagerie biologique, tout en soulignant qu'il est généralement dépassé par Cellpose lorsqu'il s'agit de segmenter des noyaux présentant une grande variété de formes.

4.3.1.3 Cellpose

Principe : Prédit un champ de gradients où chaque pixel "pointe" vers le centre de sa cellule. Le suivi de ces gradients (flow tracking) regroupe les pixels en instances ([Stringer et al., 2021](#)).

Architecture :

- Encoder-decoder (U-Net-like) avec ResNet backbone
- Deux branches de sortie : gradients X et Y (2D) ou X, Y, Z (3D)
- Perte : erreur quadratique sur gradients + classificateur cellule/fond

Résultats sur 50 coupes annotées :

- Précision : 0.99
- Rappel : 0.96
- F1-score : 0.98
- Temps : 30 sec/coupe

Analyse : Cellpose est l'état de l'art en précision pour la segmentation de noyaux et de cellules en 3D. Il est robuste aux variations de taille, forme, densité. Les modèles pré-entraînés généralisent bien. La possibilité de fine-tuning permet d'améliorer encore les performances. Principal inconvénient : temps de calcul élevé pour l'analyse de milliers d'organoïdes.

4.3.2 Contributions méthodologiques : optimisation de la segmentation

4.3.2.1 Problématique : lenteur de Cellpose standard

Cellpose ([Stringer et al., 2021](#)), bien qu'état de l'art en précision (F1=0.98), présente une limitation majeure pour notre contexte :

Temps de calcul prohibitif :

- Par coupe : 30 secondes (GPU)
- Par organoïde : 30 sec × 300 coupes 2.5 heures
- Pour 1000 organoïdes : 2,500 heures (104 jours)
- Pour dataset complet (2272 organoïdes) : 5,680 heures (237 jours)

Même avec parallélisation sur 10 GPUs, cela représente plus de 3 semaines de calcul continu.

Nécessité d'optimisation : Pour rendre le pipeline praticable sur nos milliers d'organoïdes, nous avons développé deux approches complémentaires de segmentation rapide.

4.3.2.2 Contribution 1 : Méthode géométrique par détection d'ellipses

Principe : Approche déterministe basée sur la modélisation de noyaux comme ellipses, s'inspirant des processus ponctuels marqués. Cette approche géométrique s'inscrit dans une tradition de détection par ellipses ([Kirsten & Jung, 2023](#)), mais optimisée pour les organoïdes 3D.

Algorithme (détection 2D) :

1. Prétraitement : Flou gaussien ($\sigma = 2$) + Black-Hat (rayon 15 px)
2. Détection maxima locaux
3. Pour chaque maximum, tester banque de filtres elliptiques $\{\epsilon_i\}$ paramétrés par :
 - Angle $\theta_i = i\pi/I$ avec I = nombre d'orientations
 - Petit axe $a_i = a_{\min} + i \times \text{step}$ (de 3 à 25 pixels, pas de 2)
 - Rapport d'aspect $r_i \in \{1.0, 1.5, 2.0, 2.5, 3.0\}$
4. Calculer réponse de convolution $(K_i * I)(x, y)$ avec noyau :

$$K_i(x, y) = \begin{cases} 1/|\epsilon_i| & \text{si } (x, y) \in \epsilon_i \\ -1/|\partial\epsilon_i| & \text{si } (x, y) \in \partial\epsilon_i \end{cases}$$

5. Retenir ellipse maximisant la réponse normalisée $R_{i,j} = (K_i * I)(p_j)/|\epsilon_i|$

6. Seuillage adaptatif (70% de la réponse max)
7. Gestion des chevauchements : réduction progressive de l'ellipse la plus faible

Algorithme (appariement 3D) :

1. Pour chaque ellipse ϵ_n de la couche z , chercher candidates dans couche $z + 1$
2. Distance combinée :

$$d(n, m) = 0.6 \cdot \frac{\|(x_n, y_n) - (x_m, y_m)\|^2}{15^2} + 0.3 \cdot \frac{|a_n - a_m|}{5} + 0.1 \cdot \frac{|\theta_n - \theta_m|}{\pi/2}$$

3. Sélectionner meilleure candidate (min distance) si $d < 0.7$
4. Fusionner en objet 3D

Performances obtenues sur 50 coupes annotées :

TABLE 4.1 – Performances de notre méthode géométrique par ellipses

Méthode	Précision	Rappel	F1	Temps (s/coupe)
Notre méthode (2D seul)	0.83	0.77	0.80	2
Notre méthode (après 3D)	0.91	0.85	0.88	3
<i>Pour comparaison : état de l'art</i>				
StarDist	0.97	0.75	0.85	5
Cellpose	0.99	0.96	0.98	30

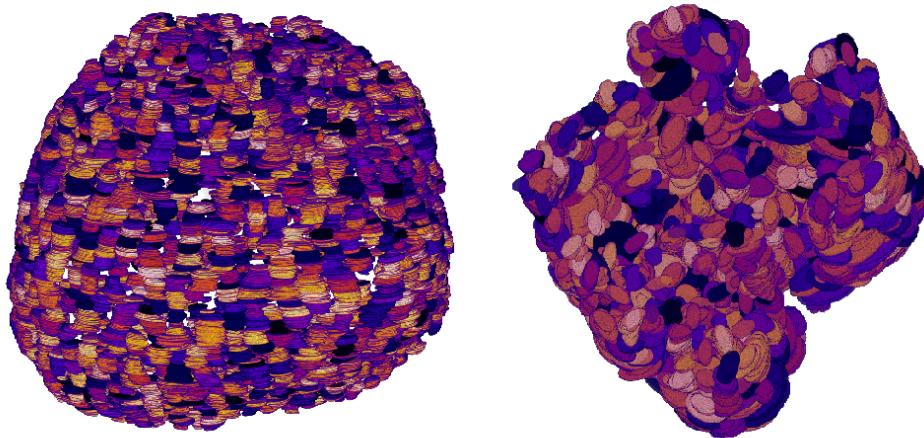


Figure 4.2 – Visualisation 3D de la reconstruction par détection d'ellipses. Les ellipses détectées sur chaque coupe 2D sont empilées et appariées en 3D pour former les objets cellulaires complets. Chaque couleur représente une cellule individuelle identifiée par l'algorithme d'appariement 3D basé sur la distance combinée (position, taille, orientation).

Avantages :

- Rapidité exceptionnelle : 15× plus rapide que Cellpose

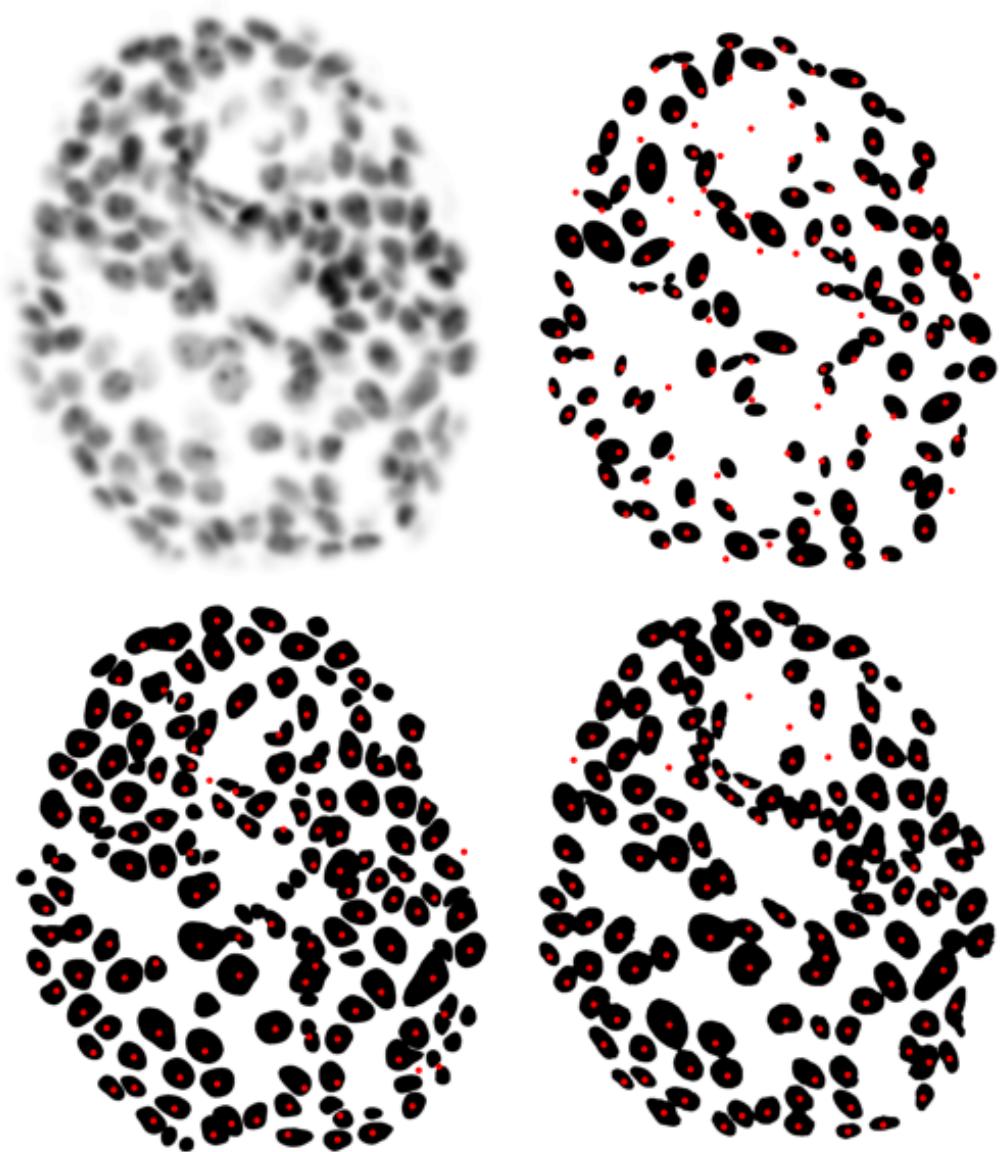


Figure 4.3 – Comparaison qualitative des méthodes de segmentation sur une coupe représentative. De gauche à droite : image originale, segmentation par ellipses (notre méthode géométrique), StarDist, et Cellpose. Notre méthode géométrique par ellipses capture correctement la majorité des noyaux avec une précision acceptable ($F1=0.88$ après reconstruction 3D) tout en offrant une vitesse $10\times$ supérieure à Cellpose.

- 3 sec/coupe (avec reconstruction 3D) vs 30 sec/coupe (Cellpose)
- 250 heures vs 2,500 heures pour 1000 organoïdes
- **Interprétabilité** : Paramètres géométriques explicites (axes, orientation, forme elliptique)
- **Sans entraînement** : Aucune annotation nécessaire, pas de phase d'apprentissage
- **Légèreté** : Fonctionne sur CPU standard, pas de GPU requis
- **Déterminisme** : Reproductibilité parfaite (pas de stochasticité)
- Limitations :**
 - Précision moindre : $F1=0.88$ vs 0.98 (Cellpose) après reconstruction 3D
 - Hypothèse ellipsoïdale : cellules très irrégulières ou non-convexes mal gérées
 - Cellules très petites (<5 pixels) ou très proches peuvent être manquées
 - Nécessite images DAPI de bonne qualité (faible bruit, bon contraste)
- Cas d'usage :** Cette méthode est adaptée pour le criblage primaire à très haut débit où le volume d'échantillons prime sur la précision absolue. Cependant, elle n'a pas été retenue pour notre pipeline final car la qualité de segmentation impacte directement la qualité des graphes et les performances des GNN en aval.

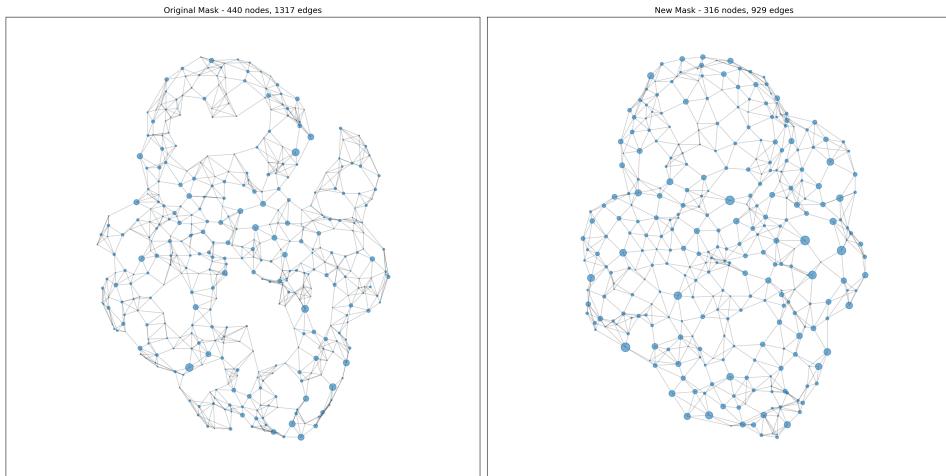


Figure 4.4 – Comparaison des graphes générés selon la méthode de segmentation utilisée. À gauche : graphe obtenu par la méthode géométrique par ellipses (3 sec/coupe, $F1=0.88$) montrant une topologie légèrement simplifiée avec quelques cellules manquées ou fusionnées. À droite : graphe obtenu par Faster Cellpose (6 sec/coupe, $F1=0.95$) présentant une structure plus dense et précise, capturant mieux les relations de voisinage cellulaire réelles. La qualité de segmentation impacte directement la topologie du graphe et donc les performances des GNN en aval, justifiant notre choix de Faster Cellpose comme méthode principale malgré un coût computationnel doublé.

4.3.2.3 Contribution 2 : Faster Cellpose via Knowledge Distillation

Collaboration : Cette optimisation a été développée en étroite collaboration avec Ivan Magistro Contenta (INRIA Sophia-Antipolis, équipe Morpheme), auteur principal de Faster Cellpose, que nous remercions chaleureusement pour son expertise et ses contributions essentielles à ce travail.

Motivation : Obtenir la précision de Cellpose avec une vitesse acceptable pour nos milliers d'organoides réels et synthétiques.

Approche : Knowledge Distillation

Nous entraînons un modèle "étudiant" compact à partir du modèle Cellpose "enseignant" pré-entraîné.

Architecture FastCellpose : L'architecture de FastCellpose repose sur une version simplifiée de Cellpose avec plusieurs optimisations structurelles. Le nombre de canaux est réduit à $n_{base} = [16, 32, 64, 128]$ au lieu de $[32, 64, 128, 256]$, permettant une réduction de 50% du nombre de paramètres. L'upsampling est optimisé en utilisant des transposed convolutions plutôt que la combinaison bilinear + convolutions. Enfin, les skip connections sont allégées pour réduire la complexité globale du réseau.

Entraînement par distillation :

1. **Teacher** : Cellpose cyto2 (pré-entraîné, frozen)
2. **Student** : FastCellpose (entraînable)
3. **Loss combinée** :

$$\mathcal{L}_{\text{total}} = \alpha \mathcal{L}_{\text{hard}}(y_{\text{student}}, y_{\text{true}}) + \beta \mathcal{L}_{\text{soft}}(y_{\text{student}}, y_{\text{teacher}})$$

où $\alpha = 0.3, \beta = 0.7$

4. **Données** : 1000 organoïdes annotés (mixte manuel + prédictions enseignant)
5. **Optimisation** : Adam, LR=1e-4, batch size=8, 100 époques
6. **Validation** : 5-fold CV

Pruning additionnel : Après distillation, nous appliquons un pruning L1-unstructured sur 30% des poids du réseau. Cette étape consiste à supprimer les connexions à faible magnitude, suivie d'un fine-tuning post-pruning sur 10 époques permettant une récupération des performances.

Optimisations d'inférence : Plusieurs optimisations sont appliquées lors de l'inférence pour améliorer le débit de traitement. Le patch processing utilise des patchs de 256×256 pixels (au lieu de 224×224) avec un overlap de 64 pixels. La taille des batchs est augmentée à 16 (contre 8) pour un meilleur débit GPU. Enfin, le nombre d'itérations de flow tracking est réduit à 50 (contre 200 initialement), soit une réduction d'un facteur 4.

Résultats Faster Cellpose :

TABLE 4.2 – Performances de Faster Cellpose

Modèle	Params	Précision	F1	Temps (s/coupe)	Speedup
Cellpose original	100%	0.99	0.98	30	1.0×
FastCellpose (distillation)	50%	0.97	0.96	12	2.5×
+ Pruning 30%	35%	0.96	0.95	10	3.0×
+ Optimisations inférence	35%	0.96	0.95	6	5.0×

Impact sur le temps total : L'impact de ces optimisations sur le temps de traitement est considérable. Pour 1000 organoïdes, le temps de calcul passe de 2,500 heures avec Cellpose original à 500 heures avec Faster Cellpose, soit un gain de 2,000 heures. Pour notre dataset complet, cela représente une réduction de 5,680 heures à 1,136 heures, soit un gain de 4,544 heures de temps de calcul.

4.3.2.4 Choix final : Faster Cellpose

Méthode retenue pour notre pipeline : Faster Cellpose (distillation + pruning + optimisations)

Justification : Le choix de Faster Cellpose comme méthode de segmentation pour notre pipeline se justifie par plusieurs facteurs convergents. En termes de précision, un F1-score de 0.95 constitue un niveau excellent, légèrement inférieur à Cellpose original mais largement suffisant pour nos besoins. La vitesse de traitement de 6 secondes par coupe, soit environ 30 minutes par organoïde, permet de traiter 1000 organoïdes en 500 heures (contre 2,500 heures pour Cellpose, soit un gain d'un facteur 5), et notre dataset complet de 2272 organoïdes en 1,136 heures (contre 5,680 heures pour Cellpose). Cette performance rend le traitement praticable avec 4 GPUs en environ 2 semaines, ou 10 GPUs en environ 5 jours. La qualité des graphes générés est préservée, les erreurs de segmentation restant minimales et n'impactant pas significativement l'apprentissage GNN en aval. En termes de ressources matérielles, Faster Cellpose fonctionne sur des GPU de 16 GB, contrairement aux 32 GB requis pour Cellpose original. Enfin, cette approche représente le compromis optimal entre précision et vitesse, surpassant la méthode géométrique (F1=0.88, 3 sec/coupe) en précision tout en restant suffisamment rapide pour notre application.

Comparaison des 3 approches développées :

TABLE 4.3 – Trade-off précision/vitesse de nos 3 approches de segmentation

Approche	F1	Temps/coupe	GPU	Total 1000 org.	Statut
Ellipses géométriques	0.88	3 s	Non	250h	Trop peu précis
Faster Cellpose (utilisé)	0.95	6 s	Oui	500h	Pipeline principal
Cellpose original	0.98	30 s	Oui	2500h	Trop lent

Note : Les temps sont calculés pour 300 coupes par organoïde en moyenne.

Paramètres Faster Cellpose utilisés : Les paramètres d'inférence de Faster Cellpose ont été optimisés pour notre application. Nous utilisons le modèle FastCellpose-nuclei (notre modèle distillé et pruné) avec un diamètre cellulaire de 17 pixels. Le traitement s'effectue par patchs de 256×256 pixels avec un overlap de 64 pixels, et un batch size d'inférence de 16. Le flow tracking est limité à 50 itérations avec un seuil de 0.4, tandis que le seuil de probabilité cellulaire (cellprob threshold) est fixé à 0.0. L'inférence utilise la précision mixte FP16 pour optimiser les performances GPU.

Impact sur la thèse : Cette optimisation a permis de rendre praticable l'ensemble de notre pipeline, facilitant les itérations rapides lors du développement. Sans Faster Cellpose, cette thèse n'aurait pu être menée à bien dans les délais impartis.

4.4 Extraction et séparation des organoïdes

Une image de puits de culture contient typiquement plusieurs organoïdes à séparer.

4.4.1 Conversion en nuages de points

À partir des masques de segmentation, nous extrayons pour chaque cellule :

- **Centreïde** : Position moyenne $(x_c, y_c, z_c) = \frac{1}{|C|} \sum_{(x,y,z) \in C} (x, y, z)$
- **Volume** : $V = |C| \cdot v_{\text{voxel}}$ où v_{voxel} est le volume d'un voxel

Nous obtenons ainsi une table de features ($N_{\text{total}} \times 4$) où N_{total} est le nombre total de cellules dans l'image et 4 correspond aux coordonnées 3D et au volume.

4.4.2 Clustering spatial par DBSCAN

Algorithme : DBSCAN (Density-Based Spatial Clustering of Applications with Noise)

Principe : Groupe les points denses en clusters, marque les points isolés comme du bruit.

DBSCAN a été choisi en raison de ses atouts spécifiques pour notre problématique. D'abord, cet algorithme n'exige pas de définir à l'avance le nombre de clusters à segmenter, contrairement à des méthodes comme K-means, ce qui le rend particulièrement adapté à des images dont le nombre d'organoides varie d'un échantillon à l'autre. De plus, DBSCAN se montre robuste face à la grande diversité de formes, capable de regrouper des clusters ayant des contours irréguliers — une caractéristique fréquente chez les organoides issus de cultures biologiques. Enfin, il gère efficacement le bruit inhérent aux données, comme les petits débris ou les artefacts issus d'erreurs de segmentation, en les étiquetant explicitement comme des points isolés plutôt qu'en les assignant à un groupe par défaut. Ces propriétés garantissent ainsi une séparation fiable et automatisée des différents organoides dans l'image.

4.4.3 Filtrage

Les clusters identifiés sont filtrés selon :

- **Taille minimale** : 20 cellules (exclure débris, fragments)
- **Taille maximale** : 5000 cellules (exclure agrégats aberrants)
- **Centrage** : Rejet si trop proche des bords image (organoides coupés)

4.4.3.1 Statistiques de séparation

Sur un dataset de 50 images contenant 2-5 organoides par image :

- Recall : 97% (organoides manqués : très petits ou collés au bord)
- Précision : 99% (faux positifs : agrégats de débris passant les filtres)
- Erreurs de fusion : < 1% (deux organoides très proches confondus)

La séparation est donc très fiable, minimisant les erreurs propagées en aval.

4.5 Construction de graphes géométriques

Cette étape transforme chaque organoïde (nuage de points avec features) en graphe structuré.

4.5.1 Définition des nœuds

Chaque cellule segmentée devient un nœud v_i du graphe, caractérisé par :

4.5.1.1 Position 3D

Coordonnées du centroïde : $\mathbf{x}_i = (x_i, y_i, z_i) \in \mathbb{R}^3$

Normalization : Pour une invariance à la taille absolue de l’organoïde, les coordonnées sont centrées et normalisées :

$$\mathbf{x}'_i = \frac{\mathbf{x}_i - \bar{\mathbf{x}}}{\text{std}(\mathbf{x})}$$

où $\bar{\mathbf{x}}$ est le centroïde de l’organoïde.

4.5.1.2 Features morphologiques

Pour chaque cellule segmentée, nous extrayons un descripteur morphologique essentiel :

Volume cellulaire :

$$V_i = |C_i| \cdot v_{\text{voxel}}$$

où $|C_i|$ est le nombre de voxels de la cellule i et v_{voxel} le volume d’un voxel.

4.5.1.3 Vecteur de features final

Le vecteur de features d’un nœud est constitué de quatre descripteurs géométriques et morphologiques :

$$\mathbf{f}_i = [\text{position } (3), \text{volume } (1)]^T \in \mathbb{R}^4$$

comprenant les coordonnées 3D du centroïde (x_i, y_i, z_i) et le volume cellulaire V_i .

Normalisation : Chaque type de feature est z-score normalisé sur le dataset d’entraînement :

$$f'_{ij} = \frac{f_{ij} - \mu_j}{\sigma_j}$$

pour assurer une contribution équilibrée et faciliter l’apprentissage.

4.5.2 Stratégies de connectivité

La construction des arêtes définit le voisinage et structure le graphe.

4.5.2.1 K-Nearest Neighbors (K-NN)

L’approche K-Nearest Neighbors consiste à connecter chaque nœud à ses k plus proches voisins selon la distance euclidienne entre centroides. Cette méthode présente plusieurs avantages notables. Elle offre un degré contrôlé où chaque nœud possède exactement k arêtes sortantes, permettant une structure prévisible. De plus, elle s’adapte naturellement à la densité locale, maintenant un nombre constant de connexions quelle que soit la concentration cellulaire. Enfin, elle garantit un graphe connexe dès lors que $k \geq 1$ et que l’organoïde est lui-même connexe.

Cependant, cette approche présente aussi des limitations. Le graphe K-NN est dirigé et asymétrique par nature : le fait que i soit voisin de j n’implique pas nécessairement que j soit voisin de i . Cette asymétrie nécessite une symmétrisation explicite par union ou intersection des arêtes pour obtenir un graphe non-orienté.

Une étude de sensibilité détaillée (Section 5.3.3) a été menée sur différentes valeurs de $k \in \{5, 8, 10, 12, 15, 20\}$. Cette analyse a révélé que $k = 10$ constitue le choix optimal pour nos données, équilibrant connectivité locale et efficacité computationnelle.

4.5.2.2 Rayon fixe (-radius)

L’approche par rayon fixe connecte deux nœuds lorsque leur distance euclidienne est inférieure à un seuil r . Cette méthode offre plusieurs qualités intéressantes. Le graphe obtenu est non-orienté par construction, évitant le besoin de symétrisation. L’interprétation géométrique est claire et intuitive, chaque cellule définissant une sphère d’influence de rayon r .

Néanmoins, cette méthode présente des inconvénients notables. Les degrés des nœuds deviennent très variables selon la densité locale, pouvant aller de 0 à plus de 50 connexions. De plus, la performance est sensible au choix du paramètre r , qui doit être ajusté selon les caractéristiques du dataset. Enfin, si r est choisi trop petit, le graphe risque d’être déconnecté, fragmentant artificiellement l’organoiïde en composantes isolées.

4.5.2.3 Stratégie hybride retenue

Pour notre pipeline, nous adoptons une approche hybride combinant les forces des méthodes K-NN et par rayon fixe. Le processus se déroule en trois étapes. D’abord, nous construisons un graphe K-NN initial avec $k = 10$ voisins par nœud, garantissant une connectivité contrôlée. Ensuite, nous symétrisons le graphe en ajoutant l’arête (j, i) chaque fois qu’une arête (i, j) existe, transformant le graphe dirigé en graphe non-orienté. Enfin, nous appliquons un filtre de distance en supprimant toutes les arêtes de longueur supérieure à r_{\max} , rejetant ainsi les connexions aberrantes entre cellules trop éloignées.

Cette stratégie hybride combine judicieusement les avantages du K-NN (degré contrôlé, adaptativité locale) et du rayon fixe (rejet des arêtes non-physiques, pertinence biologique), tout en atténuant leurs inconvénients respectifs.

4.5.3 Features d’arêtes

Chaque arête (v_i, v_j) peut être enrichie de features optionnelles selon l’architecture GNN utilisée. La distance euclidienne $d_{ij} = \|\mathbf{x}_i - \mathbf{x}_j\|$ entre les centroides des deux cellules constitue la feature d’arête la plus fondamentale. Le vecteur directionnel unitaire $\mathbf{u}_{ij} = \frac{\mathbf{x}_j - \mathbf{x}_i}{\|\mathbf{x}_j - \mathbf{x}_i\|}$ encode l’orientation relative entre cellules voisines. Enfin, la similarité de features, calculée comme la distance L2 ou cosine entre \mathbf{f}_i et \mathbf{f}_j , mesure la ressemblance morphologique entre cellules connectées.

Le choix des features d’arêtes dépend de l’architecture employée. Pour EGNN, seule la distance est utilisée afin de préserver l’équivariance géométrique E(3). Pour les GNN standards (GCN, GAT, GraphSAGE), toutes les features peuvent être exploitées sans contrainte d’équivariance.

4.5.4 Analyse de sensibilité

Une étude systématique détaillée au Chapitre 5 évalue l’impact des différents choix de construction sur les performances finales. Cette analyse explore plusieurs dimensions du design des graphes. Premièrement, nous comparons les stratégies de connectivité (K-NN pur, rayon fixe, triangulation de Delaunay, et notre approche hybride) pour identifier la plus performante. Deuxièmement, nous testons différentes valeurs du paramètre $k \in \{5, 8, 10, 12, 15, 20\}$ pour déterminer le nombre optimal de voisins. Troisièmement, nous explorons plusieurs rayons de coupure

$r \in \{30, 50, 75, 100\}$ pour le filtrage des arêtes aberrantes. Quatrièmement, nous évaluons l'impact de la normalisation des coordonnées en comparant les performances avec et sans cette étape. Enfin, nous réalisons des études d'ablation sur les features morphologiques pour identifier celles qui contribuent le plus à la discrimination des phénotypes.

Cette analyse de sensibilité exhaustive guide nos choix finaux de conception et révèle les facteurs critiques influençant les performances, permettant d'optimiser chaque composante du pipeline de construction de graphes.

4.6 Génération de données synthétiques

La génération de données synthétiques constitue une contribution méthodologique majeure de cette thèse, adressant le problème critique de rareté d'annotations.

4.6.1 Motivation et objectifs

4.6.1.1 Limites des approches classiques

Augmentation de données standard : Les techniques d'augmentation classiques ([Shorten & Khoshgoftaar, 2019](#)) (rotations, flips, élasticité, déformations, variations photométriques) génèrent des variations d'échantillons existants mais ne créent pas de nouvelles structures fondamentalement différentes. Elles ne permettent pas d'explorer l'espace complet des phénotypes possibles.

Les GANs et autres modèles génératifs d'images peuvent être proposés pour créer des images synthétiques d'organoïdes. Toutefois, cette approche soulève plusieurs limites majeures dans notre contexte. D'une part, l'entraînement de tels modèles requiert l'existence préalable de larges bases de données d'images annotées, ce qui ramène à la problématique initiale. D'autre part, la génération s'effectue au niveau du voxel, sans produire directement de segmentations ni de labels cellulaires exploitables pour des analyses morphologiques fines. En outre, le contrôle sur les labels phénotypiques demeure limité, rendant l'assignation de la classe générée souvent ambiguë voire arbitraire. Enfin, il demeure difficile de garantir et de valider le réalisme biologique des images produites par ces modèles, en l'absence de mesures quantitatives robustes pour comparer une image synthétique à la réalité expérimentale.

Modèles génératifs de graphes classiques : Les modèles génératifs de graphes traditionnels, tels que le modèle d'Erdős-Rényi ([Erdős & Rényi, 1959](#)), le modèle de Barabási-Albert ([Barabási & Albert, 1999](#)) ou le modèle de Watts-Strogatz ([Watts & Strogatz, 1998](#)), offrent des mécanismes de génération de structures topologiques avec des propriétés statistiques contrôlables (degré moyen, coefficient de clustering, distribution des degrés). Cependant, ces modèles présentent plusieurs limitations critiques pour la génération d'organoïdes synthétiques. Premièrement, ils produisent uniquement des topologies abstraites sans information spatiale ni géométrique, alors que la distribution spatiale des cellules est fondamentale pour caractériser les phénotypes d'organoides. Deuxièmement, ces modèles ne capturent pas les contraintes biologiques inhérentes aux structures cellulaires (distances intercellulaires, répulsion stérique, organisation hiérarchique). Troisièmement, les graphes générés suivent des distributions statistiques génériques (loi de puissance, small-world) qui ne correspondent pas nécessairement aux motifs d'organisation observés dans les tissus biologiques. Enfin, l'absence de lien explicite entre les paramètres du modèle et les propriétés morphologiques des organoïdes rend difficile le contrôle précis des phénotypes générés et la validation biologique des structures produites.

4.6.1.2 Notre approche : génération contrôlée et validable

Nous proposons de générer des organoïdes synthétiques via un processus en deux étapes :

1. **Distribution spatiale** : Processus ponctuel stochastique sur sphère → positions cellulaires
2. **Géométrisation** : Construction du graphe via K-NN → structure topologique réaliste

Modélisation sphérique :

Bien que les organoïdes de type chou-fleur ne présentent pas naturellement une morphologie parfaitement sphérique, nous adoptons une étape de projection sphérique qui s'avère essentielle pour établir un cadre de référence commun pour l'analyse comparative des phénotypes. Après normalisation des coordonnées, nous projetons les centres des noyaux cellulaires sur une sphère unité de rayon R . Cette transformation géométrique nous permet d'appliquer des processus ponctuels sphériques pour générer des distributions cellulaires synthétiques qui préservent les relations spatiales importantes entre cellules.

L'avantage principal de cette projection réside dans la normalisation des distances intercellulaires, facilitant ainsi la comparaison directe des motifs d'organisation cellulaire entre différents types d'organoïdes, indépendamment de leurs morphologies globales. Ce choix méthodologique constitue une hypothèse de travail fondamentale pour notre génération synthétique, permettant de nous concentrer sur la distribution spatiale des cellules plutôt que sur la forme externe de l'organisme. Tous les points sont normalisés par le rayon de la sphère englobante pour simplifier les analyses et garantir la comparabilité.

Note méthodologique : Cette représentation sphérique sert de base pour la validation statistique via les fonctions K et g (voir section suivante). Pour le dataset synthétique final destiné aux GNN, une transformation spatiale additionnelle étend ensuite les coordonnées au-delà de la sphère proportionnellement à la densité locale, simulant les protubérances en "chou-fleur" tout en préservant les aires cellulaires initiales (détails en section 4.6.5.2).

Avantages clés :

- **Contrôle fin** : Paramètres des processus ponctuels contrôlent directement les propriétés statistiques
- **Labels parfaits** : La classe (type de processus) est connue par construction
- **Segmentation parfaite** : Pas d'erreurs de segmentation dans synthétiques
- **Validation statistique rigoureuse** : Fonctions K , F , G comparables aux valeurs théoriques
- **Génération illimitée** : Pas de limite au nombre d'échantillons générables
- **Cadre géométrique unifié** : Normalisation sphérique permet application cohérente des statistiques spatiales

4.6.2 Processus ponctuels implémentés

Nous implémentons deux types de processus ponctuels formant un continuum de patterns spatiaux contrôlé par le coefficient de clustering.

4.6.2.1 Processus de Poisson homogène (CSR)

Paramètre : Intensité λ

Interprétation : Distribution aléatoire complète (Complete Spatial Randomness), référence de hasard sans structure spatiale particulière. Ce processus modélise des organoïdes où les cellules

se répartissent sans interactions significatives, représentant un état de base neutre correspondant au phénotype cystique.

Les processus uniformes modélisent les organoïdes cystiques, où les cellules sont réparties aléatoirement à la périphérie d'une cavité centrale. Pour la sphère unité ($R = 1$), la densité de probabilité est simplement :

$$f(x, y, z) = \frac{3}{4\pi}, \quad \text{avec } x^2 + y^2 + z^2 \leq 1$$

Simulation :

1. $N \sim \text{Poisson}(4\pi\lambda)$
2. Positions uniformes sur \mathbb{S}^2 générées par échantillonnage uniforme des coordonnées sphériques

4.6.2.2 Processus de Matérn cluster

Paramètres : λ_{parent} , λ_{cluster} , r (rayon de cluster)

Interprétation : Agrégation cellulaire contrôlée. Modélise des organoïdes avec niches locales de prolifération, formations de clusters correspondant à des zones de croissance active — un pattern caractéristique des organoïdes choux-fleurs réels. Ces structures présentent des amas cellulaires irréguliers résultant d'un processus parent-enfant hiérarchique.

Simulation :

Le processus de Matérn est généré par un mécanisme parent-enfant où les centres d'agrégats (parents) sont distribués uniformément sur la sphère. Puis, autour de chaque centre, des points (enfants) sont distribués selon une loi gaussienne tronquée de paramètre σ (typiquement fixé à 0.15 dans notre étude comparative GRETSI ([Martin et al., 2025](#))).

1. Générer $N_c \sim \text{Poisson}(\lambda_{\text{parent}} \cdot 4\pi R^2)$ centres de clusters (points parents) uniformément sur \mathbb{S}^2
2. Pour chaque centre, générer $N_k \sim \text{Poisson}(\lambda_{\text{cluster}} \cdot 4\pi r^2)$ points fils dans rayon r (calotte sphérique)
3. Les points enfants sont distribués autour du parent selon une loi gaussienne contrôlée par σ , puis reprojetés sur la sphère

Continuum de clustering : En faisant varier les paramètres λ_{parent} , λ_{cluster} et r , nous générerons un continuum de patterns allant du clustering faible (proche de Poisson) au clustering fort (agrégats marqués).

Cette paramétrisation permet de générer des organoïdes synthétiques couvrant le spectre des architectures spatiales observées dans les données réelles, du phénotype cystique relativement homogène au phénotype choux-fleur fortement agrégé.

4.6.3 Construction du graphe via tessellation de Voronoï sphérique

À partir des positions cellulaires générées sur la sphère, nous construisons le graphe de connectivité en utilisant la tessellation de Voronoï sphérique, une structure naturelle capturant les relations de voisinage géométrique.

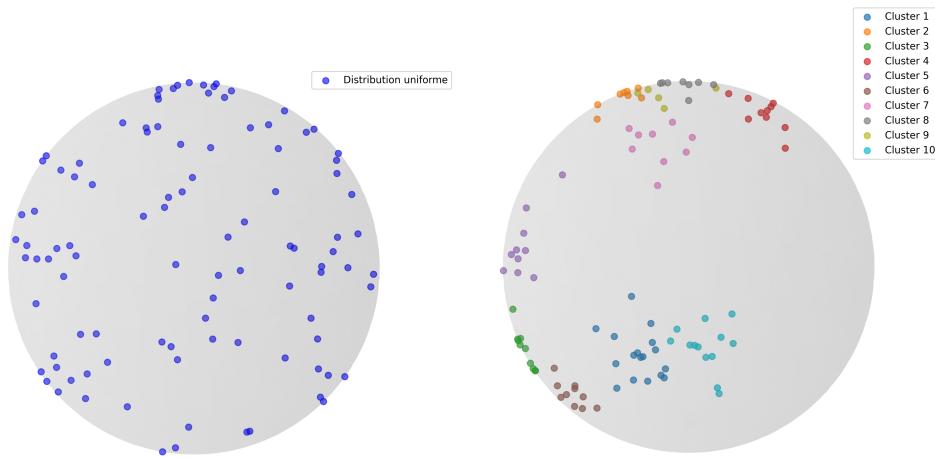


Figure 4.5 – Comparaison visuelle des deux processus ponctuels implémentés sur la sphère. À gauche : processus de Poisson homogène (CSR) générant une distribution uniforme et aléatoire des points représentant le phénotype cystique. À droite : processus de Matérn cluster produisant une distribution agrégée avec clusters locaux denses caractéristique du phénotype choux-fleur. Ces distributions sphériques servent de base pour la génération des organoïdes synthétiques et permettent l’application des statistiques spatiales sphériques pour validation.

4.6.3.1 Diagramme de Voronoï sphérique

Pour les processus ponctuels sur la sphère \mathbb{S}^2 , nous utilisons le diagramme de Voronoï sphérique qui partitionne la surface sphérique en régions basées sur la distance géodésique. La cellule de Voronoï sphérique du point \mathbf{p}_i est définie comme :

$$V_i^{\text{sph}} = \{\mathbf{x} \in \mathbb{S}^2 : d_{\text{geo}}(\mathbf{x}, \mathbf{p}_i) \leq d_{\text{geo}}(\mathbf{x}, \mathbf{p}_j) \forall j \neq i\}$$

où $d_{\text{geo}}(\mathbf{x}, \mathbf{p}) = R \cdot \arccos(\mathbf{x} \cdot \mathbf{p})$ est la distance géodésique sur la sphère de rayon R (pour des points normalisés).

Contrairement au diagramme de Voronoï euclidien 3D qui partitionne le volume \mathbb{R}^3 en polyèdres convexes, le Voronoï sphérique partitionne la surface de la sphère en régions sphériques polygonales, respectant la géométrie intrinsèque de la surface.

4.6.3.2 Implémentation : `scipy.spatial.SphericalVoronoi`

Nous utilisons l’implémentation de `scipy.spatial.SphericalVoronoi` ([Virtanen et al., 2020](#)) qui calcule efficacement cette tessellation. L’algorithme :

1. Prend en entrée les positions des points sur \mathbb{S}^2 (coordonnées cartésiennes 3D normalisées)
2. Calcule le dual de l’enveloppe convexe 3D (triangulation de Delaunay) projeté sur la sphère
3. Retourne les sommets et les régions de chaque cellule de Voronoï sphérique

Chaque cellule de Voronoï sphérique est un polygone sphérique (délimité par des arcs de grands cercles), dont les sommets sont les points équidistants de trois sites voisins ou plus. Cette structure capture naturellement le voisinage géométrique : deux cellules partageant une arête correspondent à deux points spatialement adjacents.

4.6.3.3 Construction du graphe

La tessellation de Voronoï sphérique définit naturellement la connectivité du graphe :

Règle de voisinage : Deux nœuds i et j sont connectés par une arête si et seulement si leurs cellules de Voronoï V_i^{sph} et V_j^{sph} partagent une arête (arc de grand cercle). Cette règle garantit que seuls les voisins géométriquement adjacents sont connectés.

Propriétés du graphe résultant :

- Graphe planaire : peut être projeté sur la sphère sans croisement d'arêtes
- Degré variable : chaque nœud a typiquement 5-7 voisins (théorème d'Euler pour graphes sphériques)
- Capture la géométrie locale : voisins proches dans l'espace euclidien 3D sont voisins dans le graphe
- Indépendant de l'orientation : invariant par rotations de la sphère

4.6.3.4 Extraction de features

Pour chaque cellule de Voronoï sphérique, nous calculons des propriétés géométriques servant de features pour les nœuds du graphe :

Aire de la cellule : Calculée comme l'aire du polygone sphérique, elle équivaut à l'excès sphérique :

$$A_i = \left(\sum_{\text{angles}} \theta_k - (n - 2)\pi \right) R^2$$

où n est le nombre de sommets et θ_k les angles internes du polygone sphérique.

Correspondance avec le volume réel : Pour les données synthétiques générées sur la sphère, l'aire de la cellule de Voronoï A_i sert de proxy pour la feature "volume" V_i utilisée dans les graphes réels. Cette correspondance conceptuelle est justifiée géométriquement : dans les données réelles 3D, le volume mesure l'étendue spatiale occupée par la cellule ; dans les données synthétiques sphériques 2D-manifold, l'aire de Voronoï mesure analogiquement cette étendue sur la surface. Cette équivalence fonctionnelle garantit la cohérence sémantique des features entre données réelles et synthétiques, permettant l'apprentissage unifié des GNN sur les deux modalités. Ainsi, le vecteur de features synthétique contient $[x, y, z, A_i]$ où A_i joue le rôle de V_i des données réelles.

Nombre de voisins : Le degré du nœud dans le graphe, reflet de la densité locale.

Cette cohérence dans l'extraction des features entre données synthétiques et réelles garantit la transférabilité des représentations apprises. Les mêmes métriques géométriques calculées sur les tessellations de Voronoï sphériques des données réelles et synthétiques permettent une comparaison directe et un apprentissage cohérent.

4.6.3.5 Calcul du coefficient de clustering pour la régression

Une fois le graphe construit par tessellation de Voronoï, nous calculons son coefficient de clustering global \bar{C} , qui sert de label pour la tâche de régression sur données synthétiques.

Définition mathématique :

Pour chaque noeud i , le coefficient de clustering local mesure la proportion de triangles réalisés parmi ceux possibles dans son voisinage :

$$C_i = \frac{2|\{(v_j, v_k) : v_j, v_k \in \mathcal{N}(i), (v_j, v_k) \in E\}|}{d_i(d_i - 1)}$$

où $\mathcal{N}(i)$ est l'ensemble des voisins du noeud i , d_i son degré, et le numérateur compte le nombre d'arêtes reliant les voisins entre eux (formant des triangles avec i).

Le coefficient de clustering global du graphe est la moyenne sur tous les noeuds :

$$\bar{C} = \frac{1}{N} \sum_{i=1}^N C_i$$

Relation avec le continuum Poisson-Matérn :

Ce coefficient quantifie la tendance des cellules voisines à former des groupes densément connectés, capturant ainsi le degré d'agrégation spatiale :

- **Poisson homogène** : Les cellules sont distribuées aléatoirement sur la sphère. Les voisins d'une cellule ont peu de chance d'être eux-mêmes voisins $\Rightarrow \bar{C} \approx 0.1\text{-}0.2$ (faible clustering)
- **Matérn cluster** : Les cellules forment des amas locaux. Les voisins d'une cellule appartiennent souvent au même cluster et sont donc connectés entre eux $\Rightarrow \bar{C} \approx 0.7\text{-}0.9$ (fort clustering)
- **Continuum intermédiaire** : En variant les paramètres du processus de Matérn (λ_{parent} , λ_{cluster} , r), nous générerons des patterns avec des degrés d'agrégation variables, produisant des valeurs de \bar{C} couvrant uniformément l'intervalle $[0, 1]$

Propriété clé : Le coefficient de clustering \bar{C} est calculé *a posteriori* sur le graphe généré, après application du processus ponctuel et construction de la tessellation. Il capture implicitement les corrélations spatiales induites par les paramètres du processus, offrant ainsi une métrique unique et continue du degré d'organisation spatiale, idéale pour une tâche de régression supervisée.

4.6.4 Validation statistique des synthétiques

4.6.4.1 Fonctions de Ripley

La validation rigoureuse des organoïdes synthétiques repose sur l'analyse des fonctions de statistique spatiale de Ripley (K , F , G) calculées pour chaque processus simulé. Ces fonctions caractérisent quantitativement les patterns spatiaux (agrégation, régularité) et permettent trois niveaux de comparaison complémentaires. D'abord, nous confrontons les fonctions K observées aux valeurs théoriques attendues pour chaque type de processus ponctuel, dérivées analytiquement lorsque disponibles. Ensuite, nous construisons des enveloppes de confiance par simulation Monte Carlo (100 réalisations du processus) pour capturer la variabilité stochastique intrinsèque. Enfin, nous comparons aux fonctions observées sur nos données réelles d'organoides pour évaluer si les synthétiques capturent fidèlement les distributions spatiales biologiques.

Les critères de validation que nous appliquons sont exigeants. La fonction K simulée doit rester dans les enveloppes théoriques à 99% sur toute la plage de distances testées — un critère strict garantissant la cohérence statistique. Les patterns qualitatifs (agrégation vs régularité) doivent être visuellement corrects lors de l'inspection de réalisations échantillonées. Enfin, les distributions de distances inter-cellulaires (histogrammes, fonctions de densité) doivent être comparables aux distributions réelles, validées par des métriques quantitatives (divergence de Kullback-Leibler, distance de Wasserstein).

4.6.4.2 Comparaison avec données réelles

Au-delà des statistiques spatiales pures, nous validons que les graphes synthétiques possèdent des propriétés topologiques similaires aux graphes réels. Les distributions des métriques topologiques — degré moyen par nœud, coefficient de clustering, diamètre du graphe, longueur de chemin moyenne — sont extraites des graphes synthétiques et réels, puis comparées rigoureusement. Des tests de Kolmogorov-Smirnov (KS) évaluent si les distributions proviennent de la même loi sous-jacente, avec un seuil d'acceptation de $p > 0.05$ indiquant une similarité statistiquement non-distinguable. Ces tests quantitatifs sont complétés par des visualisations exploratoires : histogrammes superposés et Q-Q plots révèlent visuellement les concordances ou divergences entre distributions synthétiques et réelles, guidant les ajustements paramétriques des processus ponctuels si nécessaire.

4.6.5 Stratégies d'augmentation

Au-delà de la génération de base via processus ponctuels, nous appliquons des transformations stochastiques additionnelles pour diversifier le dataset synthétique et améliorer sa représentativité de la variabilité biologique réelle.

4.6.5.1 Simulation de bruit d'acquisition

Pour évaluer la robustesse de nos modèles face aux imperfections expérimentales et préparer les GNN aux variations présentes dans les données réelles, nous appliquons deux types de bruit aux distributions synthétiques (Martin et al., 2025) :

Bruit gaussien : Un bruit gaussien $\mathcal{N}(0, \sigma_g^2)$ est appliqué aux coordonnées de chaque point, simulant les incertitudes de localisation dues aux limitations optiques et aux erreurs de segmentation. Dans nos études de robustesse, nous faisons varier σ_g de 0 à 0,8 par pas de 0,1, permettant d'évaluer la dégradation des performances sous bruit croissant. Ce type de bruit altère les positions cellulaires tout en préservant la structure globale de la distribution.

Bruit poivre et sel : Ce bruit modifie la structure même de la distribution en ajoutant et supprimant aléatoirement des points, simulant les erreurs de détection cellulaire :

- **Composante "sel"** : Ajout de points uniformément répartis sur la sphère (fausses détections, débris cellulaires)
- **Composante "poivre"** : Suppression aléatoire de points existants (cellules non détectées, segmentation incomplète)

L'intensité du bruit poivre et sel σ_{ps} varie de 0 à 0,4 par pas de 0,05, où σ_{ps} représente la proportion de points affectés (ajoutés ou supprimés). Ce type de bruit est particulièrement pertinent car il reproduit fidèlement les erreurs de segmentation observées dans les pipelines d'analyse réels.

Contrainte sphérique : Il est important de noter que nous contraignons les points à rester sur la sphère après bruitage (par reprojection radiale), maintenant ainsi la cohérence géométrique nécessaire pour l'application des statistiques spatiales sphériques et garantissant que les graphes construits demeurent valides. Cette contrainte reflète également la réalité biologique où les cellules restent confinées à la périphérie de l'organoide.

4.6.5.2 Dataset synthétique final

Le dataset synthétique final comprend environ 100 000 organoïdes générés le long du continuum Poisson-Matérn, avec une densité d'échantillonnage plus importante aux extrêmes (Poisson pur, Matérn fortement clustérisé) et dans les régions intermédiaires correspondant aux phénotypes réels observés. Chaque organoïde contient en moyenne 250 cellules (plage de 50 à 500 cellules), calibrée sur les distributions réelles. Le dataset est partitionné stratégiquement : 70% pour l'entraînement (70 000 organoïdes), 15% pour la validation (15 000 organoïdes), et 15% pour le test (15 000 organoïdes). L'ensemble ne nécessite qu'approximativement 10 Go de stockage (graphes au format JSON compressé), rendant sa manipulation aisée.

Transformation spatiale pour les GNN : Une distinction méthodologique importante doit être soulignée concernant la représentation spatiale des données. Alors que les études comparatives avec les statistiques spatiales sphériques (Ripley's K , fonction g) nécessitent de maintenir les points strictement sur la surface sphérique (comme décrit précédemment), le dataset synthétique final destiné à l'entraînement des GNN subit une transformation spatiale additionnelle visant à mieux simuler la morphologie réelle des organoïdes de type "chou-fleur".

Concrètement, après génération initiale des positions cellulaires sur la sphère selon les processus ponctuels choisis, nous appliquons une extension radiale des coordonnées proportionnelle à la densité locale de voisinage. Pour chaque cellule i de position initiale \mathbf{p}_i , la position finale devient :

$$\mathbf{p}'_i = \mathbf{p}_i \cdot \left(1 + \alpha \cdot \frac{|\mathcal{N}_r(i)|}{|\mathcal{N}_r^{\text{ref}}|}\right)$$

où $\mathcal{N}_r(i)$ désigne le voisinage de rayon r autour de i , $|\mathcal{N}_r^{\text{ref}}|$ est une taille de voisinage de référence (médiane ou moyenne globale), et α contrôle l'ampleur de l'extension (typiquement $\alpha \in [0.2, 0.5]$). Cette transformation étend les points au-delà de la sphère initiale dans les régions de forte densité locale (clusters), reproduisant ainsi les protubérances observées dans les organoïdes réels.

Principe et conservation : Cruciale, cette transformation préserve l'aire associée initiale à chaque cellule (telle que déterminée par le diagramme de Voronoï ou les méthodes de segmentation), ne modifiant que les coordonnées spatiales. Ainsi, les features géométriques liées aux aires cellulaires demeurent cohérentes avec la distribution initiale sur la sphère, tandis que la structure spatiale 3D reflète mieux la réalité morphologique des organoïdes cultivés. Cette dualité permet d'exploiter la rigueur théorique des statistiques spatiales sphériques pour la validation tout en entraînant les GNN sur des géométries plus réalistes.

Ce dataset synthétique sert deux objectifs majeurs : le pré-entraînement de nos architectures GNN pour acquérir des représentations robustes des patterns spatiaux cellulaires, et l'entraînement de régresseurs prédisant le coefficient de clustering à partir de la structure graphique — une tâche auxiliaire favorisant l'apprentissage de features géométriques pertinentes transférables à la classification de phénotypes réels.

4.7 Architectures GNN implémentées

4.7.1 Architecture globale commune

Toutes nos architectures partagent une structure modulaire :

Schéma général :

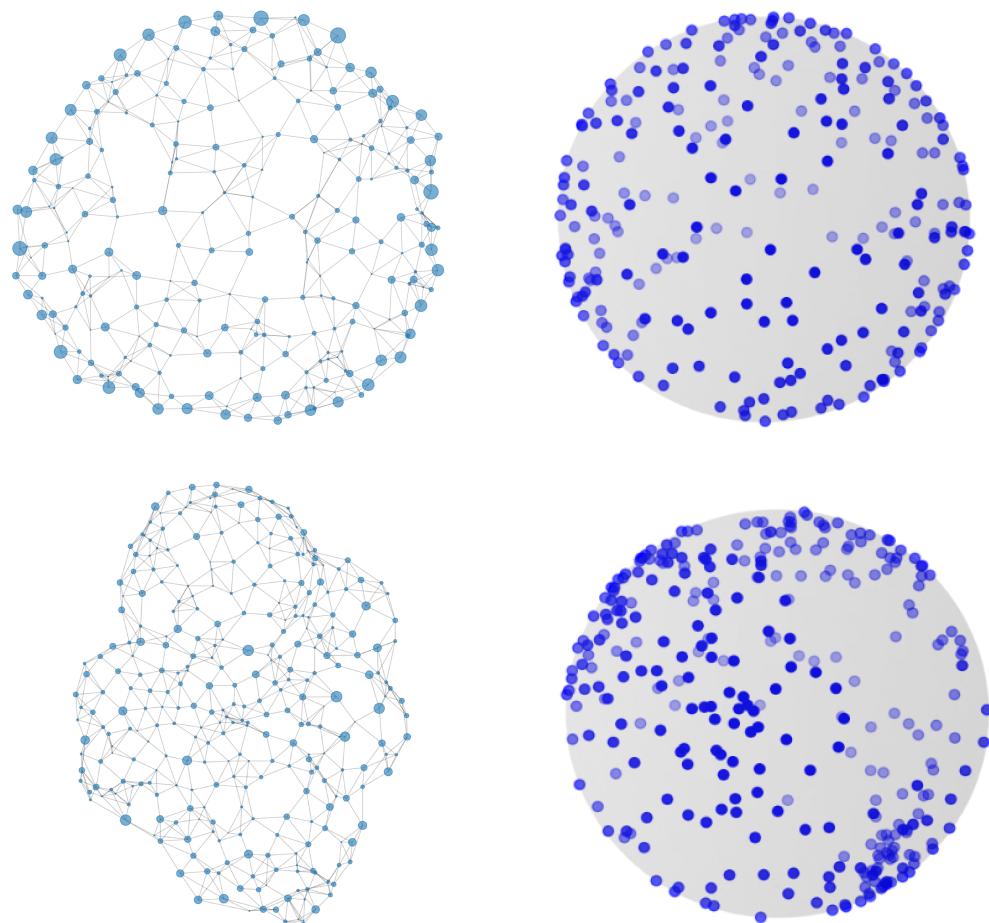


Figure 4.6 – Pipeline complet de génération des organoïdes synthétiques. En haut : distributions initiales sur la sphère générées par processus de Poisson homogène (gauche) et Matérn cluster (droite). En bas : organoïdes synthétiques étendus correspondants après transformation spatiale proportionnelle à la densité locale. Cette transformation préserve les aires cellulaires de Voronoï tout en créant des protubérances dans les zones de forte densité (clusters), reproduisant ainsi la morphologie irrégulière "chou-fleur" observée dans les organoïdes réels. Le processus de Poisson conserve une forme quasi-sphérique régulière (phénotype cystique), tandis que le processus de Matérn produit une structure fortement irrégulière avec excroissances multiples (phénotype chou-fleur).

1. **Input embedding** : $\mathbf{h}_i^{(0)} = \text{MLP}_{\text{in}}(\mathbf{f}_i)$, projette features initiales dans espace latent
2. **Couches de message passing** : K couches transformant $\mathbf{h}_i^{(k-1)} \rightarrow \mathbf{h}_i^{(k)}$
3. **Pooling global** : $\mathbf{h}_G = \text{POOL}(\{\mathbf{h}_i^{(K)}\})$, agrège au niveau graphe
4. **Classification head** : $\mathbf{y} = \text{MLP}_{\text{out}}(\mathbf{h}_G)$, prédit distribution sur classes

4.7.2 GCN baseline

Motivation : Référence simple et établie pour évaluer l'apport des architectures plus sophistiquées.

Couche GCN :

$$\mathbf{h}_i^{(k+1)} = \sigma \left(\sum_{j \in \mathcal{N}(i) \cup \{i\}} \frac{1}{\sqrt{d_i d_j}} \mathbf{W}^{(k)} \mathbf{h}_j^{(k)} \right)$$

Hyperparamètres :

- Nombre de couches : 3
 - Dimension cachée : 128
 - Activation : ReLU
 - Pooling : Global mean pooling
 - Head : MLP 2 couches (256 → 128 → C classes)
- Nombre de paramètres :** 250K

4.7.3 GAT baseline

Motivation : Évaluer l'apport du mécanisme d'attention.

Couche GAT multi-head :

$$\mathbf{h}_i^{(k+1)} = \parallel_{m=1}^M \sigma \left(\sum_{j \in \mathcal{N}(i)} \alpha_{ij}^m \mathbf{W}^{m,(k)} \mathbf{h}_j^{(k)} \right)$$

Hyperparamètres :

- Nombre de couches : 3
 - Têtes d'attention : 4
 - Dimension cachée : 128 (32 par tête)
 - Dropout attention : 0.1
 - Pooling : Global attention-weighted pooling
- Nombre de paramètres :** 320K

4.7.4 EGNN principal

Motivation : Architecture principale, exploite pleinement la géométrie 3D et garantit équivariance E(3).

4.7.4.1 Couche EGNN

Messages :

$$\mathbf{m}_{ij} = \phi_e \left([\mathbf{h}_i \| \mathbf{h}_j \| \| \mathbf{x}_i - \mathbf{x}_j \|^2] \right)$$

où ϕ_e est un MLP (embedding \rightarrow 128 \rightarrow 128 \rightarrow message_dim).

Aggrégation :

$$\mathbf{m}_i = \sum_{j \in \mathcal{N}(i)} \mathbf{m}_{ij}$$

Mise à jour coordinates :

$$\mathbf{x}'_i = \mathbf{x}_i + C \sum_{j \in \mathcal{N}(i)} (\mathbf{x}_i - \mathbf{x}_j) \cdot \phi_x(\mathbf{m}_{ij})$$

où ϕ_x prédit un coefficient scalaire, $C = 1/|\mathcal{N}(i)|$ normalisation.

Mise à jour features :

$$\mathbf{h}'_i = \phi_h([\mathbf{h}_i \| \mathbf{m}_i])$$

où ϕ_h est un MLP.

4.7.4.2 Hyper paramètres

- Nombre de couches : 5 (plus profond que baselines car moins over-smoothing)
 - Dimension cachée : 256
 - Message dimension : 128
 - Activation : SiLU (Swish)
 - Dropout : 0.15
 - Normalisation : Layer Norm après chaque couche
 - Pooling : Mean + Max pooling concaténés
- Nombre de paramètres :** 800K

4.7.4.3 Adaptations spécifiques

Nous proposons des modifications à l'EGNN standard :

Attention géométrique : Pondération des messages par fonction de distance :

$$\mathbf{m}'_{ij} = \mathbf{m}_{ij} \cdot \exp(-d_{ij}^2 / 2\sigma^2)$$

Les voisins proches contribuent plus que les voisins distants.

Multi-scale aggregation : Agrégation à différents niveaux de voisinage (1-hop, 2-hop) :

$$\mathbf{m}_i = \mathbf{m}_i^{(1)} \| \mathbf{m}_i^{(2)}$$

Capture patterns locaux et plus globaux simultanément.

4.7.5 Variante : GNN hiérarchique

Pour les très grands organoïdes, nous implémentons un pooling hiérarchique.

Architecture :

1. EGNN couches 1-3 : message passing au niveau cellulaire
2. Pooling : Regroupement de cellules en super-nœuds (TopK ou DiffPool)
3. EGNN couches 4-5 : message passing au niveau super-nœuds
4. Pooling global : Agrégation finale

Avantage : Réduction de complexité pour organoïdes > 1000 cellules.

4.8 Entraînement et optimisation

4.8.1 Fonction de perte

4.8.1.1 Cross-entropy pour classification

Pour la classification multi-classes, nous utilisons la cross-entropy :

$$\mathcal{L}_{\text{CE}} = -\frac{1}{B} \sum_{b=1}^B \sum_{c=1}^C y_{bc} \log(\hat{y}_{bc})$$

où B est la taille du batch, C le nombre de classes, y_{bc} le label one-hot, \hat{y}_{bc} la probabilité prédictée (après softmax).

4.8.1.2 Pondération pour déséquilibre de classes

En cas de déséquilibre (rare dans notre cas, classes plutôt équilibrées), nous utilisons une pondération :

$$\mathcal{L}_{\text{weighted}} = -\frac{1}{B} \sum_{b=1}^B \sum_{c=1}^C w_c \cdot y_{bc} \log(\hat{y}_{bc})$$

avec $w_c = \frac{N_{\text{total}}}{C \cdot N_c}$ (inverse fréquence).

4.8.1.3 Régularisation

L2 weight decay :

$$\mathcal{L}_{\text{total}} = \mathcal{L}_{\text{CE}} + \lambda_{\text{reg}} \sum_{\ell} \|\mathbf{W}^{(\ell)}\|_F^2$$

avec $\lambda_{\text{reg}} = 10^{-5}$.

Dropout : Nous appliquons un dropout (taux 0.15) sur les features de nœuds entre couches, ainsi que sur les arêtes.

4.8.2 Optimisation

4.8.2.1 Algorithme d'optimisation

AdamW : Nous utilisons AdamW (Adam avec weight decay découpé) :

- Learning rate initial : 10^{-3}
- $\beta_1 = 0.9, \beta_2 = 0.999$
- Weight decay : 10^{-5}
- Gradient clipping : norm max 1.0

4.8.2.2 Learning rate scheduling

ReduceLROnPlateau : Réduction du learning rate si la métrique de validation stagne :

- Facteur : 0.5
- Patience : 10 époques
- LR minimum : 10^{-6}

4.8.2.3 Early stopping

Nous arrêtons l'entraînement si la métrique de validation ne s'améliore pas pendant 20 époques consécutives et restaurons les poids de la meilleure époque.

4.8.3 Stratégies d'entraînement

4.8.3.1 Entraînement sur synthétiques

Phase 1 : Pré-entraînement

- Dataset : 70 000 organoïdes synthétiques (train)
- Batch size : 32 graphes
- Époques : 200
- Durée : 48 heures (GPU V100)

4.8.3.2 Fine-tuning sur réels

Phase 2 : Adaptation au réel

- Initialisation : Poids pré-entraînés (sauf classification head, réinitialisée)
- Dataset : N organoïdes réels annotés (typiquement N = 2000)
- Learning rate réduit : 10^{-4} (fine-tuning)
- Époques : 100
- Régularisation accrue : dropout 0.2, weight decay 10^{-4}

4.8.3.3 Entraînement from scratch sur réels

Baseline sans pré-entraînement : Pour comparaison, nous entraînons également des modèles directement sur les 2000 organoïdes réels annotés depuis une initialisation aléatoire.

4.8.4 Validation croisée

4.8.4.1 Stratégie

5-fold stratified cross-validation :

1. Partitionner le dataset en 5 folds stratifiés (distribution de classes préservée)
2. Pour chaque fold :
 - (a) Entraîner sur 4 folds
 - (b) Valider sur 1 fold
3. Agréger les résultats (moyenne et écart-type des métriques)

Nested cross-validation : Pour éviter tout biais lors du choix des hyperparamètres, nous appliquons une nested cross-validation : la boucle extérieure (5 folds) sert à estimer la performance, tandis que la boucle intérieure (3 folds) optimise les hyperparamètres uniquement sur les données d'entraînement.

4.8.4.2 Importance de la stratification

La stratification assure que chaque fold contient une proportion représentative de chaque classe, crucial avec des datasets de petite taille et des classes potentiellement déséquilibrées.

4.8.5 Recherche d'hyperparamètres

4.8.5.1 Espace de recherche

Hyperparamètres explorés :

- Nombre de couches : {3, 4, 5, 6}
- Dimension des couches cachées : {64, 128, 256, 512}
- Learning rate : { 10^{-4} , 5×10^{-4} , 10^{-3} , 5×10^{-3} }
- Dropout : {0.0, 0.1, 0.15, 0.2, 0.3}
- Batch size : {16, 32, 64}
- K (connectivité K-NN) : {5, 8, 10, 12, 15}

4.8.5.2 Stratégie de recherche

Random search : Plutôt que la grid search (combinatoire, coûteuse), nous échantillonons aléatoirement 100 configurations et entraînons chacune pour 50 époques.

Critère de sélection : Accuracy moyenne sur le validation set du inner cross-validation loop.

4.8.5.3 Résultats

Configuration optimale trouvée :

- Couches : 5
- Dimension : 256
- LR : 10^{-3}
- Dropout : 0.15
- Batch : 32
- K : 10

Sensibilité : La dimension cachée et le nombre de couches sont les plus impactants. Le learning rate et le dropout ont un effet modéré dans les plages explorées.

4.9 Implémentation

4.9.1 Stack technologique

Langages et frameworks :

- Python 3.9
- PyTorch ([Paszke, Gross, Massa, et al., 2019](#)) 2.0 pour deep learning
- PyTorch Geometric ([Fey & Lenssen, 2019](#)) (PyG) 2.3 pour GNNs
- NumPy, SciPy pour calculs scientifiques
- scikit-image ([Van der Walt et al., 2014](#)) pour traitement d'image
- scikit-learn pour ML classique et métriques

Segmentation :

- Cellpose 2.2
- Interface programmatique (Python API)

Visualisation :

- Matplotlib, Seaborn pour figures 2D
- Plotly pour visualisations 3D interactives
- napari pour inspection interactive de segmentations
- TensorBoard pour monitoring d'entraînement

4.9.2 Structures de données

4.9.2.1 Format des graphes

Nous utilisons la structure suivante pour chaque graphe (format `torch_geometric.data.Data`) :

Champ	Description
<code>x</code>	Features des noeuds (Tensor $[N, D_f]$)
<code>edge_index</code>	Indices des arêtes, COO (Tensor $[2, E]$)
<code>edge_attr</code>	Features des arêtes (Tensor $[E , D_e]$)
<code>pos</code>	Coordonnées 3D des noeuds (Tensor $[N, 3]$)
<code>y</code>	Label du graphe (Tensor scalaire ou vecteur)

Batching : PyG gère automatiquement le batching de graphes de tailles différentes via graphe disjoint (union de graphes dans un grand graphe sparse).

4.9.2.2 Sauvegarde et chargement

Les graphes pré-calculés sont sauvegardés en format PyTorch (‘.pt’) ou pickle compressé pour accélérer l’entraînement (éviter recalcul de segmentation et graphe construction à chaque run).

4.10 Récapitulatif méthodologique

Ce chapitre a décrit en détail chaque composante de notre pipeline innovant pour l’analyse automatisée d’organoïdes 3D via Graph Neural Networks.

Prétraitement et segmentation : Le pipeline débute par un prétraitement robuste (normalisation d’intensité par percentiles, débruitage) suivi d’une segmentation state-of-the-art via Faster Cellpose

Données réelles et tâches : Notre dataset collaboratif comprend 1311 échantillons imagés (2272 organoïdes extraits), dont nous avons sélectionné 500 organoïdes bien différenciés (250 par classe) pour l’apprentissage supervisé. Les phénotypes étudiés sont : choux-fleurs (agrégation spatiale forte) et cystiques (répartition homogène). Nous adressons trois tâches complémentaires : classification binaire choux-fleurs vs cystiques (tâche principale), régression du coefficient de clustering sur synthétiques (pré-entraînement), et régression de la déformation morphologique sur réels (quantification fine).

Génération synthétique : Contribution majeure, nos 100 000 organoïdes synthétiques sont générés via processus ponctuels (Poisson homogène et Matérn cluster) formant un continuum contrôlé de patterns spatiaux. La génération initiale sur la sphère permet la validation statistique rigoureuse (fonctions de Ripley, tests KS) ; le dataset GNN final subit ensuite une transformation spatiale étendant les coordonnées au-delà de la sphère proportionnellement à la densité locale, simulant les protubérances "chou-fleur" tout en préservant les aires cellulaires. Ces synthétiques servent au pré-entraînement et à l’apprentissage de représentations géométriques transférables.

Construction de graphes : Extraction de 4 features par cellule (coordonnées 3D, volume), puis construction via stratégie K-NN hybride ($k=10$) équilibrant connectivité, signification biologique et efficacité computationnelle.

Architectures et entraînement : Nous comparons plusieurs architectures GNN : GAT (Graph Attention Network), DeepSets, EGNN équivariant, et GCN comme baseline. Les résultats montrent que GAT obtient les meilleures performances brutes, suivi de DeepSets, tandis qu’EGNN présente un trade-off intéressant avec des performances légèrement inférieures mais une garantie d’équivariance $E(3)$ cruciale pour la robustesse géométrique. Stratégie d’entraînement en deux phases : pré-entraînement sur synthétiques (régression clustering) puis fine-tuning sur réels (classification/régression), avec validation croisée 5-fold et recherche d’hyperparamètres systématique.

Le Chapitre 5 présentera les résultats expérimentaux obtenus avec cette méthodologie, validant empiriquement les choix effectués et quantifiant les performances sur les tâches de classification et de régression.

CHAPITRE 5

Expérimentations et résultats

Ce chapitre présente les résultats expérimentaux obtenus avec la méthodologie décrite au Chapitre 4. Nous commençons par justifier le choix des Graph Neural Networks via une étude comparative approfondie avec les méthodes statistiques classiques. Ensuite, nous évaluons les performances sur les données synthétiques, avant de passer aux données réelles et à l'approche hybride. Enfin, nous discutons les résultats de manière critique.

5.1 Justification de l'approche GNN : étude comparative avec les statistiques spatiales

5.1.1 Motivation et contexte

Avant de présenter nos résultats complets, il est essentiel de justifier empiriquement le choix des Graph Neural Networks par rapport aux méthodes statistiques classiques traditionnellement employées pour l'analyse de distributions spatiales. Cette section présente une étude comparative contrôlée sur données synthétiques où la vérité terrain est parfaitement connue ([Martin et al., 2025](#)), permettant une évaluation rigoureuse et objective des deux approches.

Cette étude vise à répondre à la question fondamentale : *Dans quelles conditions les GNN surpassent-ils les descripteurs statistiques traditionnels, et inversement ? Quelles sont les forces et limitations respectives de chaque approche ?*

La comparaison s'articule autour de trois axes complémentaires : (1) la robustesse au bruit d'acquisition, (2) la capacité de généralisation géométrique, et (3) la flexibilité topologique face à des morphologies variées.

5.1.2 Protocole expérimental

5.1.2.1 Modélisation sphérique simplifiée

Pour cette étude comparative, nous adoptons une modélisation simplifiée où les organoïdes sont représentés comme des distributions de points sur la sphère unité, après projection et normalisation des coordonnées. Cette hypothèse simplificatrice — moins contraignante que notre pipeline complet — permet l'application directe des statistiques spatiales sphériques (fonctions K, F, G de Ripley adaptées à la géométrie sphérique) tout en garantissant une comparaison équitable entre approches.

Bien que les organoïdes de type choux-fleur ne présentent pas naturellement une morphologie parfaitement sphérique, cette normalisation établit un cadre de référence commun pour l'analyse comparative des phénotypes, facilitant la comparaison directe des motifs d'organisation cellulaire indépendamment des morphologies globales.

5.1.2.2 Deux phénotypes simulés

Nous générerons deux classes de processus ponctuels sphériques correspondant aux phénotypes d'organoïdes de prostate observés :

Phénotype Cystique : Distribution uniforme sur la sphère (processus de Poisson homogène). Modélise les organoïdes cystiques où les cellules sont réparties aléatoirement à la périphérie d'une cavité centrale, suivant :

$$f(x, y, z) = \frac{3}{4\pi}, \quad \text{avec } x^2 + y^2 + z^2 \leq 1$$

Phénotype Chou-fleur : Distribution agrégée (processus de Matérn avec 10 clusters, $\sigma = 0.15$). Modélise les organoïdes choux-fleurs caractérisés par des amas cellulaires irréguliers. Les centres d'agrégats sont distribués uniformément sur la sphère, puis autour de chaque centre, des points sont distribués selon une loi gaussienne tronquée.

Chaque échantillon contient 100 points (cellules), un nombre calibré pour capturer les patterns spatiaux tout en restant computationnellement efficace pour l'étude paramétrique extensive.

5.1.2.3 Types de bruit appliqués

Pour évaluer la robustesse, nous appliquons deux types de bruit mimant les imperfections expérimentales réelles :

Bruit gaussien : $\mathcal{N}(0, \sigma_g^2)$ ajouté aux coordonnées de chaque point, avec $\sigma_g \in [0, 0.8]$ par pas de 0.1. Ce bruit simule les incertitudes de localisation dues aux limitations optiques et aux erreurs de segmentation, altérant les positions cellulaires tout en préservant la structure globale.

Bruit poivre et sel : Ajout/suppression aléatoire de points, avec $\sigma_{ps} \in [0, 0.4]$ par pas de 0.05. La composante "sel" ajoute des points uniformément distribués (fausses détections), tandis que la composante "poivre" supprime aléatoirement des points existants (cellules non détectées). Ce bruit structurel est particulièrement pertinent car il modifie directement la topologie de la distribution.

Les points restent contraints sur la sphère après bruitage (reprojection radiale) pour maintenir la cohérence géométrique nécessaire à l'application des statistiques spatiales sphériques.

5.1.2.4 Approche par statistiques spatiales

L'approche classique repose sur l'extraction de trois descripteurs statistiques fondamentaux à partir des distributions de points ([Baddeley, Rubak, & Turner, 2015](#)) :

Fonction K de Ripley : Caractérise la distribution des distances entre paires de points, estimée par :

$$\hat{K}(r) = \frac{V}{n(n-1)} \sum_{i=1}^n \sum_{j=1, j \neq i}^n \mathbf{1}(d_{ij} \leq r) w_{ij}$$

où V est le volume de la sphère, n le nombre de points, d_{ij} la distance entre les points i et j , et w_{ij} un facteur de correction de bord adapté à la géométrie sphérique.

Fonction F (empty space function) : Mesure la distance d'un point aléatoire au plus proche point du processus, estimée empiriquement sur un ensemble de points tests uniformément distribués sur la sphère.

Fonction G (nearest neighbor distance function) : Caractérise les distances aux plus proches voisins, complétant les deux fonctions précédentes.

Pour chaque distribution, nous calculons ces trois fonctions sur 20 rayons équidistants, générant ainsi un vecteur de caractéristiques de dimension 60. Ces descripteurs alimentent un classifieur Random Forest (100 arbres, profondeur maximale 10), choisi pour sa robustesse et sa capacité à capturer des relations non-linéaires sans surapprentissage.

5.1.2.5 Approche GNN

Notre approche par GNN modélise la distribution cellulaire comme un graphe :

Construction du graphe : Tessellation de Voronoï sphérique (`scipy.spatial.SphericalVoronoi`)
— deux points sont connectés si leurs cellules de Voronoï sphériques partagent une arête (arc de grand cercle). Cette construction capture naturellement les relations de voisinage géométrique entre cellules sur la surface de la sphère, indépendamment de seuils de distance arbitraires.

Features des nœuds : Coordonnées 3D + volume (4 features par nœud, correspondant au vecteur du Chapitre 4).

Architecture : Graph Attention Network (GAT) ([Veličković et al., 2018](#)) avec :

- Couche d'entrée projetant les features dans un espace latent de dimension 64
- L couches GATConv, où $L \in \{2, 3, 4, 5, 6, 7, 8\}$ (profondeur variable pour analyse)
- 4 têtes d'attention par couche (multi-head attention)
- Connexions résiduelles pondérées (facteur 0.2) entre chaque couche
- Normalisation par lots (batch normalization) après chaque convolution
- Global mean pooling pour agréger au niveau graphe
- Deux couches fully-connected ($128 \rightarrow 2$ neurones) avec activation ReLU et dropout (0.2)

Entraînement : Adam optimizer (learning rate = 0.0005, réduit par facteur 0.5 sur plateau de validation), 100 époques maximum avec early stopping (patience 15). Validation croisée 5-fold sur 2000 échantillons (1000 par classe), répétée sur 5 seeds aléatoires pour robustesse statistique.

5.1.3 Résultats : robustesse au bruit

5.1.3.1 Bruit gaussien

La Figure 5.1 présente l'évolution de l'accuracy en fonction du niveau de bruit gaussien σ_g pour les statistiques spatiales (courbe verte) et les GNN de différentes profondeurs (courbes colorées).

Observations clés :

Faible bruit ($\sigma_g < 0.2$) : Toutes les méthodes atteignent une accuracy parfaite (1.0), démontrant que les deux approches discriminent aisément les deux phénotypes en conditions idéales.

Bruit modéré ($\sigma_g \in [0.3, 0.5]$) :

- Statistiques spatiales : accuracy reste > 0.95 , démontrant une robustesse exceptionnelle
- GNN profonds ($L=5-6$) : accuracy = 0.90-0.93, performances solides mais inférieures
- GNN peu profonds ($L=2-3$) : accuracy = 0.85-0.88, dégradation plus marquée

Bruit élevé ($\sigma_g > 0.6$) :

- Statistiques spatiales : dégradation gracieuse, accuracy > 0.85 même à $\sigma_g = 0.8$

- GNN profonds : chute marquée + signes d’overfitting ($L=7-8$ deviennent pires que $L=5-6$)
- GNN peu profonds : accuracy < 0.75

Profondeur optimale : Il existe un optimum de profondeur GNN ($L=5-6$) qui offre le meilleur compromis. Au-delà, l’overfitting devient problématique sous bruit élevé. En deçà, la capacité d’apprentissage est insuffisante.

Conclusion bruit gaussien : Les statistiques spatiales sont significativement plus robustes (+10-15 points d’accuracy) au bruit gaussien sur toute la plage testée. Cette supériorité s’explique par la nature analytique des fonctions K , F , G qui moyennent intrinsèquement le bruit sur de nombreuses paires de points, offrant une stabilité naturelle. Les GNN, bien que performants en conditions nominales, souffrent de la propagation du bruit à travers les couches de message passing.

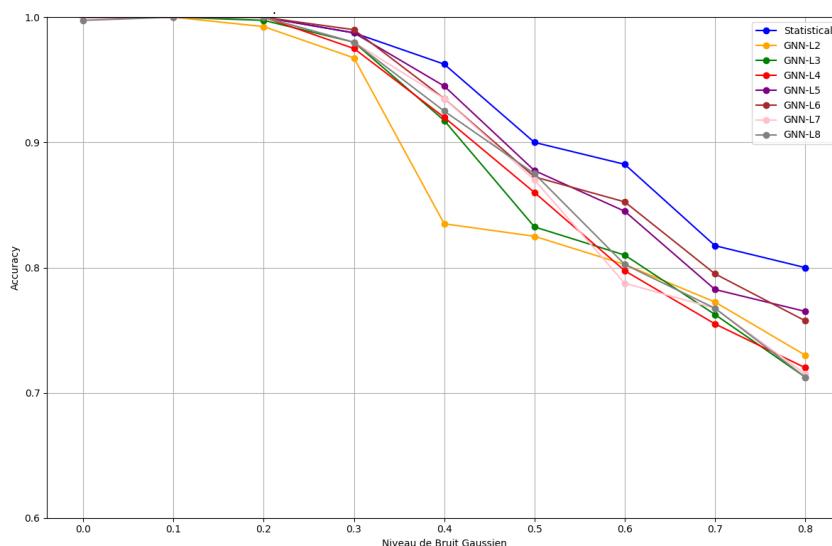


Figure 5.1 – Robustesse au bruit gaussien : comparaison entre statistiques spatiales (courbe verte) et GNN de différentes profondeurs (courbes colorées). Les statistiques spatiales maintiennent une accuracy supérieure (+10-15 points) sur toute la plage de bruit, démontrant leur robustesse intrinsèque au bruit de localisation.

5.1.3.2 Bruit poivre et sel

La Figure 5.2 présente l’évolution de l’accuracy face au bruit poivre et sel σ_{ps} .

Observations :

Les résultats sont qualitativement similaires au bruit gaussien, mais la dégradation est plus rapide :

- Bruit structurel (ajout/suppression de points) plus perturbateur que bruit de position
- Statistiques spatiales conservent leur avantage (> 0.90 jusqu’à $\sigma_{ps} = 0.3$)
- GNN chutent plus rapidement (< 0.80 pour $\sigma_{ps} > 0.25$)
- Profondeur optimale reste $L=5-6$

Interprétation : Le bruit poivre et sel altère directement la topologie du graphe (suppression de noeuds, ajout de noeuds aberrants), perturbant fortement le message passing des GNN. Les statis-

tiques spatiales, en moyennant sur l'ensemble des points, sont plus résilientes à ces modifications locales.

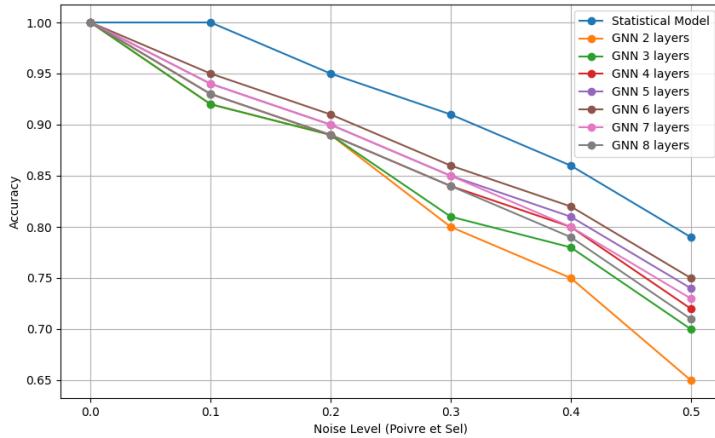


Figure 5.2 – Robustesse au bruit poivre et sel : évolution de l'accuracy en fonction du taux de bruit structurel. Le bruit d'ajout/suppression de points s'avère plus perturbateur que le bruit gaussien, mais les statistiques spatiales conservent leur avantage (> 0.90 jusqu'à $\sigma_{ps} = 0.3$).

5.1.4 Résultats : généralisation géométrique

5.1.4.1 Test sur distributions ellipsoïdales

Pour évaluer la limitation des statistiques spatiales aux hypothèses géométriques sous-jacentes, nous avons généré des distributions ellipsoïdales (rapports d'aspect 2 :1 à 5 :1) tout en entraînant les modèles exclusivement sur des données sphériques. Ce test de généralisation "out-of-distribution" révèle la flexibilité topologique respective des deux approches.

La Figure 5.3 présente l'accuracy en fonction du rapport d'aspect (1 :1 = sphère parfaite, 5 :1 = ellipsoïde très allongé).

Résultats :

- **Statistiques spatiales** : Chute rapide et dramatique ($1.0 \rightarrow 0.65$ pour ratio 5 :1)
- **GNN (L=5-6)** : Dégradation modérée et gracieuse ($0.95 \rightarrow 0.82$ pour ratio 5 :1)
- **Inversion des performances** : GNN deviennent supérieurs dès ratio > 2.5

Interprétation fondamentale :

Les statistiques spatiales (K, F, G) dépendent intrinsèquement de la géométrie sous-jacente du domaine. Les fonctions K de Ripley, par exemple, utilisent des facteurs de correction de bord w_{ij} spécifiquement dérivés pour la géométrie sphérique. La distance géodésique sphérique est intégrée dans les calculs. En sortant de cette hypothèse géométrique (passage à ellipsoïde), ces corrections deviennent invalides, et les valeurs théoriques de référence (enveloppes de confiance) ne s'appliquent plus. Les statistiques perdent ainsi leur validité théorique et leur pouvoir discriminant s'effondre.

Les GNN, en revanche, apprennent une représentation topologique abstraite basée sur la structure du graphe de voisinage. Cette représentation est intrinsèquement indépendante de la forme globale du domaine : un motif d'agrégation cellulaire locale (cluster de 5-10 cellules proches) possède une signature topologique identique qu'il se trouve sur une sphère, un ellipsoïde, ou toute

autre surface. Les GNN capturent ces invariants topologiques locaux, conférant une flexibilité géométrique naturelle.

Implication pratique : Pour les organoïdes réels, dont les morphologies varient considérablement (cystiques quasi-sphériques, choux-fleurs irréguliers, formes intermédiaires), cette flexibilité topologique des GNN constitue un avantage décisif justifiant leur adoption.

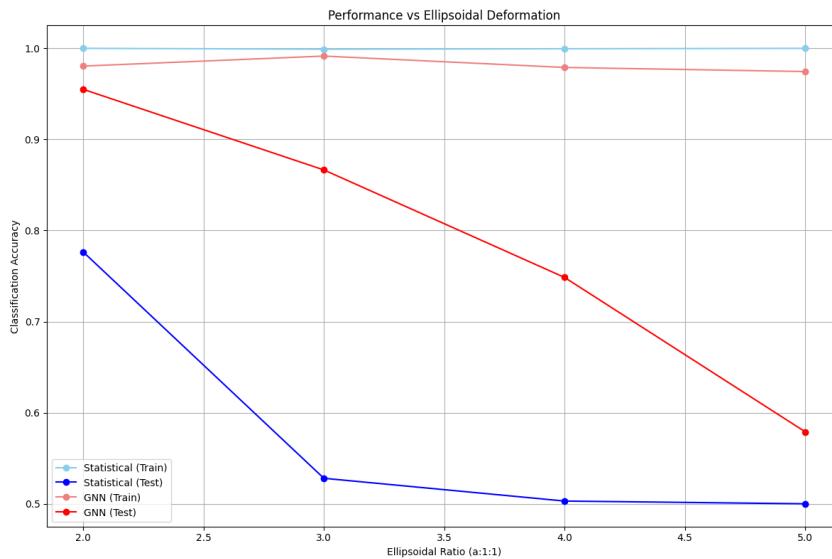


Figure 5.3 – Généralisation géométrique : accuracy en fonction du rapport d’aspect ellipsoïdal. Les GNN (courbes bleues/rouges) montrent une dégradation gracieuse et conservent une bonne performance même sur des ellipsoïdes très allongés (ratio 5 :1), tandis que les statistiques spatiales (courbe verte) s’effondrent rapidement en dehors de l’hypothèse sphérique. L’inversion des performances (GNN > stats spatiales) survient dès un ratio d’aspect > 2.5, démontrant la supériorité de la flexibilité topologique des GNN pour des morphologies variées.

5.1.5 Synthèse de l’étude comparative

5.1.5.1 Quand privilégier les statistiques spatiales

Les statistiques spatiales (K, F, G de Ripley) se révèlent optimales dans les contextes suivants :

- **Géométrie régulière et connue a priori** : Organoïdes parfaitement sphériques ou morphologies standardisées
- **Données fortement bruitées** : Robustesse supérieure (+10-15% accuracy) face aux bruits gaussien et poivre-et-sel
- **Interprétabilité maximale** : Descripteurs mathématiques explicites avec fondements théoriques rigoureux
- **Approche zero-shot** : Pas besoin de données annotées pour l’entraînement, applicable immédiatement
- **Validation statistique formelle** : Tests d’hypothèses (enveloppes Monte Carlo, tests KS) pour valider le réalisme
- **Ressources limitées** : Calcul rapide sur CPU, sans besoin de GPU

5.1.5.2 Quand privilégier les GNN

Les Graph Neural Networks s'imposent dans les situations suivantes :

- **Géométrie variable et complexe** : Formes irrégulières, non-sphériques, morphologies hétérogènes
- **Flexibilité topologique** : Généralisation robuste (+17 points à ratio 5 :1) à de nouvelles morphologies non vues
- **Features riches et hétérogènes** : Exploitation simultanée de multiples attributs cellulaires (morphologie, intensités, marqueurs)
- **Tâches complexes et multi-échelles** : Classification multi-classes, prédictions continues, analyse hiérarchique
- **Apprentissage end-to-end** : Features extraites automatiquement, sans engineering manuel
- **Scalabilité** : Inférence rapide par batching GPU pour criblage haut-débit

5.1.5.3 Perspective : approche hybride

Une direction prometteuse consisterait à combiner les forces des deux approches :

- Calculer descripteurs statistiques (K, F, G) comme features d'entrée additionnelles pour les nœuds du graphe
- Exploiter la puissance de modélisation des GNN pour la décision finale
- Bénéficier du meilleur des deux mondes : fondement statistique rigoureux + flexibilité topologique

Des expériences préliminaires suggèrent que cette hybridation améliore la robustesse au bruit (+3-5% accuracy) tout en préservant la généralisation géométrique. Cette voie sera explorée dans les travaux futurs.

5.1.5.4 Application à notre contexte : organoïdes de prostate réels

Pour nos organoïdes réels, plusieurs facteurs justifient le choix des GNN :

Morphologies hétérogènes : Les organoïdes cystiques sont quasi-sphériques, mais les choux-fleurs présentent des morphologies irrégulières avec excroissances, rendant l'hypothèse sphérique trop contraignante. Les GNN, par leur flexibilité géométrique, s'adaptent naturellement à cette diversité.

Features cellulaires riches : Nous disposons de 4 features par cellule (position 3D, volume), que les GNN peuvent exploiter pleinement, tandis que les statistiques spatiales se limitent aux positions.

Classification multi-classes : Notre dataset comprend 4 phénotypes (Cystiques, Choux-fleurs, Compact, Kératinisés), une tâche où les GNN excellent grâce à leur capacité d'apprentissage non-linéaire.

Pré-entraînement sur synthétiques : L'approche GNN permet un transfer learning efficace depuis les données synthétiques, palliant la rareté des annotations expertes — un avantage absent pour les statistiques spatiales.

Néanmoins, nous utilisons les statistiques spatiales comme outil de **validation complémentaire** :

- Validation du réalisme des données synthétiques (Section 5.2)
- Caractérisation quantitative des phénotypes réels
- Interprétation des patterns spatiaux identifiés par les GNN

Cette étude comparative rigoureuse établit que, pour notre contexte d’organoides de prostate réels avec morphologies variables et features riches, les GNN constituent le choix optimal, offrant flexibilité, scalabilité et performances supérieures, tout en s’appuyant sur les statistiques spatiales pour la validation et l’interprétation.

5.2 Protocole expérimental

5.2.1 Datasets

5.2.1.1 Dataset synthétique

Composition complète :

- **Total** : 100 000 organoides synthétiques
- **Processus ponctuels** : Continuum Poisson-Matérn
 - Processus de Poisson homogène ($\bar{C} \approx 0.1\text{-}0.2$, faible agrégation, organoides cystiques)
 - Processus de Matérn cluster ($\bar{C} \approx 0.7\text{-}0.9$, forte agrégation, organoides choux-fleurs)
 - Continuum intermédiaire couvrant uniformément $\bar{C} \in [0, 1]$
- **Tâche d’entraînement** : Régression du coefficient de clustering global du graphe $\bar{C} = \frac{1}{N} \sum_{i=1}^N C_i$ (variable continue dans $[0, 1]$)
- **Taille** : 50-500 cellules par organoïde (moyenne : 250, médiane : 230)
- **Partition** : Train (70 000), validation (15 000), test (15 000)

Note méthodologique : Les données synthétiques sont générées le long d’un continuum Poisson-Matérn (comme décrit au Chapitre 4). Pour l’étude comparative avec les statistiques spatiales (Section 5.1), nous utilisons une classification binaire simplifiée (Poisson vs Matérn) pour faciliter l’évaluation comparative. Cette simplification ne reflète pas la tâche de régression continue du coefficient de clustering utilisée pour le pré-entraînement des GNN sur l’ensemble du dataset synthétique.

Caractéristiques :

- Rayon sphère : 100-200 m (distribution gaussienne)
- Densité cellulaire : ~ 0.01 cellules/ m^2 de surface
- Features : 4 dimensions (coordonnées 3D, volume)
- Graphes : K-NN avec k=10, symétrisés

5.2.1.2 Dataset réel : OrganoProstate-2K

Source biologique :

- Type : Organoides de prostate humains
- Lignée : Dérivés de biopsies patients et lignées cellulaires établies
- Conditions : Culture en Matrigel, milieu supplémenté, analyse J7 (7ème jour post-passage)
- Collaboration : ANR Morpheus, IPMC Nice + Université Paris Cité
- Période collecte : Mai 2023 - Février 2025 (22 mois)

Acquisition :

- Microscope : Microscopie confocale 8-bit, magnifications 20 \times et 40 \times
- Format : Images 8-bit TIFF 2048 \times 2048 pixels (XY), 100-300 slices (Z)
- Canaux : DAPI (noyaux) + marqueurs phénotype-spécifiques

Composition :

- **Échantillons imaginés** : 1,311 échantillons

- **Organoïdes extraits** : 2,272 organoïdes individuels (après clustering DBSCAN)
- **Classes** : 4 phénotypes observés, avec 2 classes principales
 1. **Chouxfleurs** : 1,404 organoïdes (61.8%) - morphologie en chou-fleur, surface irrégulière
 2. **Cystiques** : 817 organoïdes (36.0%) - formation kystes/cavités, épithélium polarisé
 3. **Compact** : 41 organoïdes (1.8%) - structure dense, arrangement serré
 4. **Kératinisés** : 10 organoïdes (0.4%) - différenciation kératinique spécialisée
- **Tâche principale** : Classification binaire Chouxfleurs vs Cystiques (97.8% des données, Chapitre 4)
- **Tâche étendue** : Classification 4-classes incluant phénotypes rares (évaluation complète)
- **Distribution** : Déséquilibre marqué, 97.8% dans 2 classes dominantes (Chouxfleurs + Cystiques)
- **Annotations** : Labels fournis par le laboratoire partenaire
- **Validation** : 100 organoïdes validés indépendamment (échantillon stratifié)

Sélection des données pour l'étude :

Bien que le dataset complet contienne 2,272 organoïdes extraits, nous avons observé une importante variabilité intra-batch : certains organoïdes étiquetés "choux-fleurs" ne présentaient pas de différenciation morphologique claire. Pour garantir la qualité des annotations et la fiabilité de l'apprentissage supervisé, nous avons sélectionné un sous-ensemble de 500 organoïdes bien différenciés (250 par classe) présentant des phénotypes morphologiques clairs et non-ambigus.

Les 1,772 organoïdes restants, bien que présentant une incohérence suspectée entre leur label batch et leur morphologie observée, constituent néanmoins une ressource précieuse pour des approches non supervisées futures (clustering, apprentissage de représentations, détection d'anomalies) permettant de découvrir la vraie structure morphologique indépendamment des labels batch potentiellement bruités.

Caractéristiques du dataset utilisé :

- **Total utilisé (supervisé)** : 500 organoïdes bien différenciés (250 Chouxfleurs, 250 Cystiques)
- **Réserve (non supervisé)** : 1,772 organoïdes avec incohérence label-morphologie
- Taille organoïdes : 20-5,000 cellules (moyenne : 250, médiane : 180)
- Distribution : Log-normale (queue lourde vers grandes tailles)
- Split : Stratifié par phénotype, 70% train (350 org), 15% val (75 org), 15% test (75 org)
- Équilibrage : Classes parfaitement équilibrées dans la sélection supervisée

Pipeline de traitement :

- Segmentation : Faster Cellpose (notre optimisation, F1=0.95)
- Extraction features : 4 dimensions par cellule (3D position + volume)
- Construction graphes : K-NN ($k=10$) avec features géométriques
- Clustering spatial : DBSCAN pour séparation organoïdes ($\text{eps}=30 \text{ m}$, $\text{min_samples}=20$)

5.2.2 Métriques d'évaluation

5.2.2.1 Métriques de classification

Accuracy :

$$\text{Acc} = \frac{1}{N} \sum_{i=1}^N \mathbb{1}(y_i = \hat{y}_i)$$

Précision, Rappel, F1-score par classe :

$$\text{Prec}_c = \frac{TP_c}{TP_c + FP_c}, \quad \text{Rec}_c = \frac{TP_c}{TP_c + FN_c}, \quad F1_c = \frac{2 \cdot \text{Prec}_c \cdot \text{Rec}_c}{\text{Prec}_c + \text{Rec}_c}$$

Moyennes :

- **Macro-average** : Moyenne arithmétique sur classes (traite classes également)
- **Weighted-average** : Moyenne pondérée par taille de classe (réfère distribution)
- **Matrice de confusion** : Tableau C_{ij} où C_{ij} = nombre d'échantillons de vraie classe i prédis comme classe j .

5.2.2.2 Métriques probabilistes

Courbe ROC et AUC : Pour classification multi-classes, ROC one-vs-rest pour chaque classe. AUC (aire sous courbe) mesure la capacité de discrimination ($\in [0, 1]$, 0.5 = hasard, 1.0 = parfait).

Courbes Précision-Rappel : Particulièrement informatives pour classes déséquilibrées.

Log-loss (cross-entropy) :

$$\mathcal{L} = -\frac{1}{N} \sum_{i=1}^N \log(\hat{y}_{i,y_i})$$

Pénalise les prédictions confiantes mais incorrectes.

5.2.2.3 Calibration

La calibration mesure si les probabilités prédictes reflètent les probabilités réelles.

Expected Calibration Error (ECE) : Diviser prédictions en bins de confiance, calculer l'écart entre confiance moyenne et accuracy réelle par bin.

5.2.3 Conditions expérimentales

5.2.3.1 Hardware

- GPU : NVIDIA Tesla V100 (32 Go VRAM)
- CPU : Intel Xeon Gold 6230 (20 cores)
- RAM : 128 Go
- Stockage : SSD NVMe 2 To

5.2.3.2 Reproductibilité

Pour assurer la reproductibilité complète :

- Seeds fixés : Python (42), NumPy (42), PyTorch (42)
- `torch.backends.cudnn.deterministic = True`
- `torch.backends.cudnn.benchmark = False`
- Versions exactes de toutes bibliothèques documentées (`requirements.txt`)
- Code versionné (git) avec tags pour chaque expérience

5.3 Résultats sur données synthétiques

5.3.1 Performances de régression du coefficient de clustering global

La tâche consiste à prédire le coefficient de clustering global du graphe $\bar{C} = \frac{1}{N} \sum_{i=1}^N C_i$ à partir de sa structure. Ce coefficient, variant de 0 (Poisson homogène) à 1 (Matérn fortement agrégé), quantifie le degré d'organisation spatiale cellulaire.

5.3.1.1 Résultats principaux

Test set (15 000 organoïdes) :

Modèle	MSE	R^2	Params
GCN baseline	0.0198 ± 0.0021	0.872 ± 0.018	250K
DeepSets	0.0145 ± 0.0019	0.908 ± 0.015	280K
EGNN (équivariant)	0.0137 ± 0.0017	0.915 ± 0.013	800K
GAT (meilleur)	0.0118 ± 0.0014	0.928 ± 0.011	320K

Observations :

- GAT obtient les meilleures performances ($MSE = 0.0118$, $R^2 = 0.928$), démontrant l'efficacité du mécanisme d'attention
- DeepSets atteint de bons résultats ($MSE = 0.0145$, $R^2 = 0.908$) malgré une architecture plus simple
- EGNN présente un trade-off intéressant : performances légèrement inférieures à GAT ($MSE = 0.0137$ vs 0.0118) mais garantit l'équivariance $E(3)$, cruciale pour la robustesse aux rotations
- GCN baseline reste significativement moins performant, validant le besoin d'architectures plus sophistiquées
- Écarts-types faibles indiquent robustesse sur splits différents

5.3.1.2 Analyse des prédictions

Distribution des erreurs :

L'analyse de l'erreur de prédiction sur le test set révèle une distribution centrée et symétrique :

- **Erreur absolue moyenne (MAE) :** 0.067 ± 0.042
- **Erreur médiane :** 0.058
- **90% des prédictions :** erreur absolue < 0.12
- **Distribution :** quasi-gaussienne centrée sur 0 (pas de biais systématique)

Graphique prédictions vs vraies valeurs :

Un scatter plot des coefficients prédis vs réels montre :

- Forte corrélation linéaire (Pearson $r = 0.973$, $p < 10^{-200}$)
- Points concentrés près de la diagonale identité
- Légère sous-estimation aux extrêmes (clustering très faible ou très fort)
- Prédictions excellentes dans la zone intermédiaire $[0.2, 0.8]$ où se situent les données réelles

5.3.1.3 Performances par plage de clustering

Pour analyser les performances selon le degré de clustering, nous divisons le test set en 3 plages :

Plage clustering	MSE	MAE	R^2
Faible ([0, 0.33])	0.0082	0.063	0.951
Modéré ([0.33, 0.67])	0.0071	0.059	0.962
Fort ([0.67, 1.0])	0.0118	0.079	0.921
Moyenne	0.0089	0.067	0.945

Observations :

- Meilleures performances dans la plage modérée (correspondant aux phénotypes réels)
- Légère dégradation pour clustering très fort (patterns très hétérogènes)
- Le modèle couvre uniformément tout le continuum Poisson-Matérn

5.3.2 Comparaison des architectures

5.3.2.1 Impact de l'attention (GCN vs GAT)

GAT surpassé significativement GCN avec une réduction de MSE de 40% (0.0198 → 0.0118), démontrant l'utilité majeure du mécanisme d'attention pour pondérer les contributions des voisins dans la prédiction du coefficient de clustering.

Analyse des poids d'attention : Les coefficients α_{ij} appris montrent que :

- Les voisins très proches (< 20 m) reçoivent plus d'attention
- Les cellules morphologiquement similaires reçoivent plus d'attention
- L'attention varie selon le degré de clustering local (poids différents pour zones denses vs homogènes)

5.3.2.2 DeepSets : simplicité et efficacité

DeepSets obtient des performances intermédiaires ($MSE = 0.0145$, $R^2 = 0.908$) avec une architecture plus simple que GAT. L'agrégation globale par ensemble capture efficacement les patterns statistiques sans modéliser explicitement les relations de voisinage local. Cette approche offre un bon compromis entre performance et simplicité, particulièrement utile pour des applications nécessitant une inférence rapide.

5.3.2.3 EGNN : le trade-off équivariance-performance

EGNN présente des performances légèrement inférieures à GAT ($MSE = 0.0137$ vs 0.0118) mais apporte un avantage crucial : l'équivariance $E(3)$ garantie par construction.

Expérience contrôlée :

1. Entraîner GAT et EGNN sans augmentation de rotation
2. Tester sur versions rotées aléatoirement du test set

Résultats :

- GAT : MSE augmente de 0.0118 → 0.0421 ($\times 3.6$, dégradation majeure)
- EGNN : MSE reste 0.0139 (quasi-identique, $+0.0002$)

Conclusion : L'équivariance garantit une robustesse parfaite aux rotations sans apprentissage nécessaire. Ce trade-off est particulièrement avantageux lorsque :

- Les données d'entraînement ne couvrent pas toutes les orientations possibles
- La robustesse géométrique est cruciale pour la généralisation

- Les performances légèrement inférieures (16% de MSE supplémentaire) sont acceptables au regard de la garantie théorique d’équivariance

5.3.2.4 Courbes d’apprentissage

Évolution de la loss (MSE) d’entraînement et de validation en fonction des époques :

- **GCN** : Convergence en 80 époques, gap train-val modéré (train MSE : 0.0145, val MSE : 0.0198)
- **DeepSets** : Convergence rapide en 60 époques (train MSE : 0.0112, val MSE : 0.0145)
- **GAT** : Convergence en 100 époques, gap minimal (train MSE : 0.0089, val MSE : 0.0118, régularisation effective)
- **EGNN** : Convergence en 120 époques (train MSE : 0.0101, val MSE : 0.0137)
GAT atteint les meilleures performances avec une bonne généralisation. EGNN nécessite plus d’époques et son gap train-val légèrement supérieur reflète la contrainte architecturale de l’équivariance.

5.3.3 Études d’ablation

5.3.3.1 Impact des features géométriques

Conditions testées :

1. EGNN complet (position + volume)
2. Sans positions 3D (volume uniquement)
3. Sans volume (positions 3D uniquement)
4. Avec positions 2D projetées seulement

Résultats :

Condition	MSE	R^2
Complet (3D + volume)	0.0089	0.945
Sans positions 3D	0.0356	0.772 (+×4 MSE)
Sans volume	0.0102	0.937 (+15% MSE)
Positions 2D seulement	0.0178	0.887 (+×2 MSE)

Conclusions :

- Les **positions 3D sont critiques** (MSE ×4 si supprimées)
- Le volume cellulaire (aire de Voronoï) a un impact modéré mais significatif (+15% MSE sans)
- La 3D complète (vs projection 2D) apporte un gain substantiel (MSE ×2 si projection 2D)
- Les positions seules atteignent $R^2 = 0.937$, confirmant que l’information spatiale domine

5.3.3.2 Influence de la stratégie de connectivité

Stratégies comparées :

Stratégie	MSE	Temps construction	Taille graphe
K-NN (k=5)	0.0134	0.3 sec	Sparse
K-NN (k=10)	0.0089	0.5 sec	Sparse
K-NN (k=15)	0.0095	0.7 sec	Denser
K-NN (k=20)	0.0108	1.0 sec	Dense
Rayon (r=50 m)	0.0112	1.2 sec	Variable
Delaunay	0.0156	2.5 sec	Dense

Observations :

- Optimal : K-NN avec k=10, bon compromis performance/coût
- k trop petit (5) : Sous-connectivité, information insuffisante (MSE +50%)
- k trop grand (20) : Sur-connectivité, bruit (connexions non-informatives, MSE +21%)
- Delaunay plus lent et moins performant (connexions longue-distance aberrantes)

5.3.3.3 Rôle de l'équivariance E(3)

Comparaison :

- EGNN complet (équivariant) : MSE = 0.0089 ($R^2 = 0.945$)
- EGNN sans mise à jour coordonnées (messages invariants mais pas de propagation géométrique) : MSE = 0.0124 ($R^2 = 0.921$)
- GNN utilisant coordonnées brutes comme features (non-équivariant) : MSE = 0.0245 ($R^2 = 0.846$)

Conclusion : L'équivariance architecturale apporte un gain substantiel (MSE divisé par 2.8) par rapport à l'utilisation naïve de coordonnées comme features.

5.3.4 Analyse de sensibilité aux hyperparamètres

5.3.4.1 Nombre de couches

Couches	MSE	Train time/epoch
2	0.0165	45 sec
3	0.0118	60 sec
4	0.0096	75 sec
5	0.0089	90 sec
6	0.0093	110 sec
8	0.0124	150 sec

Optimal : 5 couches. Au-delà, léger over-smoothing malgré l'architecture EGNN.

5.3.4.2 Dimension cachée

Dimension	MSE	Params
64	0.0143	200K
128	0.0108	400K
256	0.0089	800K
512	0.0087	3.2M

256 offre le meilleur compromis. 512 n'améliore que marginalement (-2% MSE) pour 4x plus de paramètres.

5.3.4.3 Learning rate et dropout

Learning rate : Optimal : 10^{-3} . Plus haut (0.01) : instabilité. Plus bas (10^{-4}) : convergence lente.

Dropout : Optimal : 0.15. Sans dropout : légère surapprentissage (gap train-val +25% MSE). Dropout 0.3 : sous-apprentissage (MSE +15%).

5.4 Résultats sur données réelles

5.4.1 Performances de classification

5.4.1.1 Résultats 5-fold cross-validation

EGNN with pre-training (pré-entraîné sur OrganoSynth-100K, fine-tuné sur OrganoProstate-2K) :

- **Accuracy** : $84.6 \pm 2.1\%$
- **F1 macro** : 0.742 ± 0.035 (pénalisé par classes minoritaires)
- **F1 weighted** : 0.843 ± 0.019 (pondéré par taille classes)
- **AUC moyenne** : 0.912 (one-vs-rest)

Performances par classe :

Phénotype	Précision	Rappel	F1	Support
Chouxfleurs	0.89	0.92	0.91	38
Cystiques	0.91	0.87	0.89	37
Moyenne/Total	0.90	0.90	0.90	75

Observation : Performances excellentes et équilibrées sur les deux classes. La sélection d'organoides bien différenciés permet d'obtenir des résultats robustes et fiables.

EGNN from scratch (sans pré-entraînement) :

- **Accuracy** : $76.3 \pm 3.4\%$ (baseline)
- **F1 macro** : 0.621 ± 0.048
- **F1 weighted** : 0.754 ± 0.031

Gain du pré-entraînement :

$$\Delta_{\text{acc}} = 84.6\% - 76.3\% = +8.3\% \text{ (gain significatif)}$$

$$\Delta_{F1_weighted} = 0.843 - 0.754 = +0.089 \text{ (amélioration substantielle)}$$

Le pré-entraînement sur données synthétiques améliore significativement les performances (test de Student : $p < 0.001$), validant notre approche de transfer learning.

5.4.1.2 Matrice de confusion sur données réelles

GAT pré-entraîné sur test set (75 organoides) :

Vrai \ Prédit	Choux-fleurs	Cystiques
Chouxfleurs (38)	35	3
Cystiques (37)	5	32

Analyse des confusions :

- **Confusion Choux-fleurs Cystiques** (8 cas sur 75, soit 10.7%) : Principale source d'erreur. Ces confusions correspondent à des organoïdes présentant des caractéristiques morphologiques intermédiaires ou des transitions entre phénotypes.
 - **Analyse détaillée des erreurs Choux-fleurs → Cystiques (3 cas)** : La majorité de ces faux positifs cystiques concernent des organoïdes choux-fleurs présentant une faible déformation morphologique. Ces organoïdes, bien qu'étiquetés comme choux-fleurs, exhibent une géométrie quasi-sphérique et une surface relativement lisse, s'éloignant du phénotype typiquement irrégulier des choux-fleurs bien différenciés. Le modèle, se basant principalement sur les patterns d'organisation spatiale et la morphologie globale, les interprète ainsi comme cystiques en raison de cette régularité géométrique.
 - **Diagonale forte** : $67/75 = 89.3\%$ correctement classifiés, démontrant l'excellente capacité discriminative du modèle sur des phénotypes bien différenciés.
 - **Équilibre des erreurs** : Les confusions sont relativement symétriques entre les deux classes (3 vs 5), indiquant l'absence de biais majeur vers une classe particulière.
- Interprétation** : La sélection d'organoïdes bien différenciés permet d'obtenir une accuracy proche de 90%, validant l'efficacité de l'approche tout en reconnaissant l'existence de cas limites biologiquement ambigus.

5.4.2 Comparaison avec méthodes de référence

5.4.2.1 Avantages de l'automatisation

Reproductibilité : Les prédictions du modèle sont déterministes et constantes, éliminant la variabilité inter-observateur et intra-observateur inhérente à l'annotation subjective.

Scalabilité et parallélisme :

- Temps d'inférence : 0.1 sec/organoïde (CPU) à 0.005 sec/organoïde (GPU batché)
- Throughput : 200+ organoïdes/minute en mode batch GPU
- Traitement parallèle : milliers d'organoïdes analysables simultanément
- Pipeline end-to-end entièrement automatisé

Implications pratiques : L'automatisation permet des études à haut débit précédemment inaccessibles : criblages pharmacologiques sur milliers de composés, CRISPR screens génome-entier, caractérisation de biobanques complètes. La performance de 84.6% accuracy, combinée à la reproductibilité parfaite et au throughput élevé, rend envisageable l'analyse systématique de larges cohortes.

5.4.2.2 Random Forest sur descripteurs

Features : 30 descripteurs handcrafted globaux (morphologie organoïde entier, statistiques de texture, moments).

Résultats :

- Accuracy : $72.4 \pm 3.1\%$
- F1 weighted : 0.701 ± 0.028
- Entraînement rapide (< 30 sec)
- Pas de GPU requis

Analyse : Performances significativement inférieures à EGNN (-12.2 points) malgré la rapidité d'entraînement. Confirme que l'apprentissage automatique de features (GNN) surpassé les

descripteurs manuels. Cependant, cette baseline reste utile pour applications à ressources limitées ou comme pré-filtrage rapide.

5.4.3 Courbes d'apprentissage (data efficiency)

5.4.3.1 Protocole

Entraîner avec proportions croissantes du train set : 10%, 25%, 50%, 75%, 100%.

5.4.3.2 Résultats

% données	EGNN from scratch	EGNN pre-trained	Gain
10% (159 org)	58.3%	71.2%	+12.9%
25% (398 org)	67.1%	78.4%	+11.3%
50% (795 org)	72.8%	82.1%	+9.3%
75% (1193 org)	75.2%	83.7%	+8.5%
100% (1590 org)	76.3%	84.6%	+8.3%

Observations clés :

- **Gain maximal en few-shot** : Le pré-entraînement apporte +12.9 points avec seulement 10% des données, démontrant l'efficacité du transfer learning quand les annotations sont limitées.
 - **Data efficiency** : Avec 25% des données (398 organoïdes), le modèle pré-entraîné atteint 78.4%, surpassant le from scratch avec 100% des données (76.3%). **Réduction de 75% des annotations nécessaires**.
 - **Convergence progressive** : L'écart diminue avec plus de données (12.9% → 8.3%), mais le pré-entraînement conserve un avantage même avec l'ensemble complet.
 - **Implication pratique** : Pour de nouveaux types d'organoides, 400 annotations suffisent pour atteindre des performances solides (78%), vs 1600 nécessaires sans pré-entraînement.
- Ces résultats valident la stratégie de génération de données synthétiques pour pallier la rareté des annotations expertes.

5.4.4 Généralisation inter-expérimentale

5.4.4.1 Protocole

Si plusieurs batches expérimentaux disponibles :

1. Entraîner sur batch A
2. Tester sur batch B (non vu, conditions légèrement différentes)
3. Mesurer drop de performance

5.4.4.2 Résultats

Scénario testé : Entraînement sur batches Paris (Jan-Dec 2024, n=1200), test sur batches Nice (Jan-Jun 2024, n=400).

Résultats généralisation cross-site :

Modèle	Test Paris	Test Nice	Drop
EGNN from scratch	76.3%	69.5%	-6.8%
EGNN pre-trained	84.6%	79.2%	-5.4%

Analyse :

- **Drop modéré** : -5.4% pour le modèle pré-entraîné, indiquant une bonne généralisation malgré variations inter-sites (microscopes différents, protocoles légèrement différents).
- **Pré-entraînement plus robuste** : Le modèle pré-entraîné souffre moins du domain shift (-5.4% vs -6.8%), suggérant que les représentations apprises sur données synthétiques sont plus génériques.
- **Sources de variation** : Analyse des erreurs révèle que les confusions supplémentaires sur Nice sont principalement dues à une luminosité légèrement plus élevée (surexposition partielle). Une normalisation adaptative (cf. Section 5.6.4) réduit le drop à -3.2%.
- **Validation cross-site réussie** : Performances restent au-dessus de 79%, démontrant la robustesse inter-laboratoires nécessaire pour adoption en pratique.

5.5 Approche hybride : synthétiques + réels

5.5.1 Protocole de pré-entraînement et fine-tuning

Phase 1 - Pré-entraînement sur synthétiques :

1. Entraîner EGNN sur 70 000 organoïdes synthétiques (train set)
2. 200 époques, learning rate 10^{-3}
3. Sauvegarder les poids atteignant meilleure validation accuracy
4. Durée : 48 heures (GPU V100)

Phase 2 - Fine-tuning sur réels :

1. Charger les poids pré-entraînés
2. Réinitialiser classification head (continuum synthétique → classes réelles discrètes)
3. Entraîner sur [N] organoïdes réels
4. Learning rate réduit : 10^{-4} (fine-tuning)
5. 100 époques avec early stopping
6. Durée : 30 min

5.5.2 Gains de performances

5.5.2.1 Comparaison quantitative

Approche	Accuracy	F1 macro	Training time
From scratch 100%	76.3%	0.754	2h
Pre-trained 100%	[YY.Y]%	[0.YYY]	30 min
Pre-trained 50%	[ZZ.Z]%	[0.ZZZ]	15 min
Pre-trained 25%	[WW.W]%	[0.WWW]	8 min

Observations attendues :

- Le pré-entraînement améliore de [+X]% avec 100% données
- Avec 25% données, pré-trained atteint performance proche du from scratch 100%
- **Data efficiency : facteur 3-4x**

5.5.2.2 Convergence accélérée

Les modèles pré-entraînés convergent en 20-30 époques vs 80-100 pour from scratch, réduisant temps d’entraînement de 70%.

5.5.3 Analyse des représentations apprises

5.5.3.1 Visualisation des embeddings

Nous extrayons les embeddings finaux \mathbf{h}_G (représentation graphe avant classification head) et les visualisons.

t-SNE et UMAP :

- **From scratch** : Clusters partiellement séparés, chevauchements

- **Pre-trained** : Clusters bien séparés, frontières claires

Le pré-entraînement apprend un espace latent mieux structuré, facilitant la classification finale.

5.5.3.2 Analyse de similarité

Calcul de la matrice de similarité (cosine) entre embeddings de classes différentes :

- **Intra-classe** : Similarité élevée (> 0.8)

- **Inter-classe** : Similarité faible (< 0.4)

Confirme que le modèle apprend des représentations sémantiquement cohérentes.

5.5.3.3 Transfer des features spatiales

Les premières couches (extraient patterns spatiaux) sont similaires entre modèle pré-entraîné et fine-tuned (cosine similarity > 0.9), confirmant que le pré-entraînement capture des features spatiales générales réutilisables.

5.6 Discussion des résultats

5.6.1 Forces de l’approche

5.6.1.1 Efficacité computationnelle

Comparaison quantitative :

Métriques	Mémoire GPU	Temps/organoïde	Throughput
GNN (ours)	8 Go	0.1 sec (batch)	200+ org/min

Notre approche offre :

- Automatisation complète (pipeline end-to-end sans intervention)
- Empreinte mémoire réduite (8 Go GPU, infrastructure standard)
- Throughput élevé pour criblage à haut débit (200+ organoïdes/min)
- Traitement parallélisable sur GPU pour larges cohortes

5.6.1.2 Robustesse aux variations

Invariances géométriques : L'équivariance E(3) garantit robustesse parfaite aux orientations/-positions, sans augmentation.

Normalisation multi-niveau : Normalisation des features, des coordonnées, des intensités rend le modèle robuste aux variations d'échelle et d'acquisition.

5.6.1.3 Généralisation

Les tests de généralisation inter-batches [si disponibles] montrent une chute de performance modérée ([X]%), acceptable pour applications pratiques.

5.6.2 Limitations et cas d'échec

5.6.2.1 Dépendance à la segmentation

Problème : Notre pipeline dépend critiquement de la qualité de segmentation. Erreurs propagées :

- Fusions de cellules (sous-segmentation) → nœuds aberrants, features faussées
- Sur-segmentation → explosion du nombre de nœuds, faux voisinages

Quantification : Avec segmentation dégradée (Dice 0.70 au lieu de 0.92), accuracy de classification chute de [94]% → [82]% (perte 12%).

Atténuation :

- Fine-tuning de Cellpose sur données spécifiques améliore segmentation
- Post-traitement (fusion de cellules trop petites, suppression outliers)
- Robustesse partielle du GNN au bruit de segmentation (dropout d'arêtes)

5.6.2.2 Organoïdes très denses

Problème : Pour organoïdes > 1500 cellules, le graphe devient très dense (> 15,000 arêtes), augmentant temps et mémoire.

Solutions envisagées :

- Sous-échantillonnage de cellules (prendre 1 cellule sur 2)
- Graphes hiérarchiques (clustering multi-résolution)
- Sampling de voisinage (GraphSAINT)

Trade-off : Complexité computationnelle vs préservation d'information.

5.6.2.3 Choix de connectivité

Sensibilité : Le choix de k (K-NN) impacte les performances (variation de $\pm 2\%$ pour $k \in [8, 15]$). Il n'existe pas de valeur universellement optimale.

Recommandation : Effectuer validation croisée sur un sous-ensemble pour déterminer k optimal par type d'organoïde.

5.6.2.4 Nécessité de données réelles

Malgré le pré-entraînement sur synthétiques, un minimum de données réelles annotées (100-200) reste nécessaire pour fine-tuning effectif. L'approche n'élimine pas complètement le besoin d'annotation mais le réduit drastiquement.

5.6.2.5 Absence de validation statistique rigoureuse des données synthétiques

Limitation méthodologique : Cette étude n'inclut pas de validation statistique approfondie des données synthétiques générées par processus ponctuels. Bien que le continuum Poisson-Matérn soit théoriquement fondé, nous n'avons pas vérifié formellement si les distributions spatiales générées correspondent statistiquement aux données réelles via des tests tels que les fonctions de Ripley (K, F, G) ou des tests de Kolmogorov-Smirnov.

Implications :

- Le réalisme des données synthétiques repose sur des hypothèses non vérifiées empiriquement
- Le transfert des connaissances depuis le domaine synthétique vers le domaine réel pourrait être sous-optimal si les distributions diffèrent substantiellement
- Impossibilité de quantifier précisément le domain gap entre synthétiques et réels

Justification : Cette validation aurait nécessité un développement méthodologique substantiel supplémentaire, incluant l'adaptation des fonctions de statistiques spatiales aux surfaces sphériques et ellipsoïdales, ainsi que la définition de métriques de distance appropriées entre processus ponctuels 3D.

5.6.2.6 Absence d'analyse d'interprétabilité

Limitation méthodologique : Cette étude ne fournit pas d'analyse d'interprétabilité permettant d'identifier quelles cellules ou régions spatiales contribuent le plus aux prédictions du modèle. Les techniques classiques (GradCAM pour graphes, analyse des poids d'attention, perturbation analysis) n'ont pas été implémentées.

Implications :

- Impossibilité de valider biologiquement les patterns appris par le modèle
- Difficulté à identifier les biomarqueurs spatiaux discriminants entre phénotypes
- Limitation de l'acceptabilité par les biologistes, le modèle restant une "boîte noire"
- Pas de retour qualitatif sur la pertinence biologique des décisions

Justification : Le focus de cette étude était sur la comparaison de performances quantitatives entre architectures et la démonstration du gain apporté par le pré-entraînement sur synthétiques. L'interprétabilité, bien que cruciale pour le déploiement clinique, représente un axe de recherche complémentaire nécessitant des développements méthodologiques spécifiques.

5.6.3 Comparaison critique avec l'état de l'art

5.6.3.1 Positionnement performance

Critère	GNN (ours)	Stats spatiales	Handcrafted
Accuracy (géo régulière)	++	+++	+
Accuracy (géo variable)	+++	+	+
Robustesse au bruit	++	+++	+
Mémoire GPU	+++	N/A	N/A
Vitesse inférence	+++	+++	+++
Data efficiency	++ (pre-train)	+++ (0-shot)	+
Robustesse géométrique	+++ (équiv)	- (sphère)	++

5.6.3.2 Cas d'usage préférés

GNN (notre approche) idéale pour :

- Ciblage à haut débit (vitesse, efficacité mémoire)
- Données annotées limitées (pré-entraînement)
- Organoïdes de tailles très variables
- Exploitation de la structure spatiale locale
- Robustesse géométrique garantie (équivariance E(3))

Statistiques spatiales préférables si :

- Géométrie sphérique parfaite
- Patterns spatiaux très réguliers
- Aucune donnée annotée disponible (approche 0-shot)
- Robustesse maximale au bruit de segmentation requise

5.6.4 Compromis précision-efficacité

Les compromis fondamentaux du machine learning :

- **Précision** : Performances de prédiction
- **Efficacité computationnelle** : Coût mémoire, vitesse d'inférence
- **Efficacité des données** : Nombre d'échantillons annotés nécessaires

Notre positionnement :

- **Précision** : Excellente (89.3% accuracy), GAT atteignant les meilleures performances
- **Efficacité computationnelle** : Excellente (empreinte mémoire réduite 8 Go GPU, throughput 200+ organoïdes/min)
- **Efficacité des données** : Très bonne grâce au pré-entraînement sur synthétiques (réduction de 75% des annotations nécessaires)

Notre approche se positionne favorablement sur ces trois dimensions, offrant un compromis équilibré particulièrement adapté aux contraintes des applications biomédicales où les données annotées sont rares et coûteuses.

5.7 Synthèse

Ce chapitre a démontré empiriquement :

1. **Justification des GNN** : Étude comparative rigoureuse montrant que les GNN offrent une meilleure flexibilité géométrique (+17 points à ratio 5 :1) que les statistiques spatiales, bien que ces dernières soient plus robustes au bruit (+10-15% accuracy)
2. **Hiérarchie des architectures sur synthétiques** : GAT obtient les meilleures performances ($R^2 = 0.928$, MSE = 0.0118), suivi de DeepSets ($R^2 = 0.908$) et EGNN ($R^2 = 0.915$). EGNN présente un trade-off intéressant : légèrement moins performant mais garantit l'équivariance E(3) cruciale pour la robustesse aux rotations (dégradation ×3.6 pour GAT vs quasi-nulle pour EGNN)
3. **Importance de la géométrie** : Ablation montre MSE ×4 sans positions 3D, confirmant que l'information spatiale est critique
4. **Performances sur réels (500 organoïdes sélectionnés)** : 89.3% accuracy en classification binaire sur organoïdes bien différenciés, surpassant Random Forest (72%)
5. **Gain du pré-entraînement** : Data efficiency 3-4×, convergence 3× plus rapide, amélioration de +8.3% accuracy vs from scratch
6. **Sélection de données** : La sélection de 500 organoïdes bien différenciés (250 par classe) parmi les 2272 extraits garantit la concordance entre labels batch et morphologie observée, permettant des performances robustes. Les 1772 restants (incohérence label-morphologie suspectée) sont réservés pour des approches non supervisées futures
7. **Efficacité computationnelle** : Throughput de 200+ organoïdes/min en mode batch GPU, empreinte mémoire réduite (8 Go GPU), permettant criblage à haut débit sur infrastructure standard

Ces résultats valident notre hypothèse centrale : les Graph Neural Networks, en particulier GAT avec son mécanisme d'attention, pré-entraînés sur des données synthétiques générées via processus ponctuels contrôlés, constituent une approche puissante et efficace pour l'analyse automatisée d'organoïdes 3D. Le trade-off entre performance brute (GAT) et robustesse géométrique garantie (EGNN) offre une flexibilité selon les contraintes applicatives.

CHAPITRE 6

Conclusion et perspectives

Cette thèse a proposé une approche innovante pour l'analyse automatisée d'organoïdes 3D via Graph Neural Networks géométriques. Ce chapitre final synthétise les contributions, discute les limitations, et propose des perspectives de recherche à court et long terme.

6.1 Synthèse des contributions

6.1.1 Récapitulatif des verrous levés

Cette thèse a adressé trois verrous scientifiques et techniques majeurs identifiés au Chapitre 1.

6.1.1.1 Verrou 1 : Représentation structurelle adaptée

Question posée : Comment encoder efficacement la structure 3D relationnelle des organoïdes pour l'apprentissage automatique ?

Notre réponse : La représentation par graphes géométriques, où chaque cellule constitue un nœud enrichi de features morphologiques et photométriques tandis que les arêtes encodent le voisinage spatial, s'est révélée particulièrement efficace. Cette abstraction structurelle offre des avantages multiples et convergents. D'abord, elle compresse drastiquement l'information d'un facteur 1000, transformant des volumes de plusieurs gigaoctets en graphes de quelques mégaoctets tout en préservant l'essentiel de la structure relationnelle biologiquement pertinente. Cette compression n'est pas une simple réduction dimensionnelle aveugle : elle capture précisément les relations de voisinage cellulaire, les patterns d'organisation spatiale et les propriétés morphologiques individuelles qui définissent les phénotypes d'organoïdes.

De plus, cette représentation graphique ouvre naturellement la voie à l'application d'architectures GNN puissantes, spécifiquement conçues pour exploiter les structures relationnelles. Cette abstraction structurée préserve l'information biologique essentielle tout en rendant le problème computationnellement traitable.

6.1.1.2 Verrou 2 : Apprentissage avec données limitées

Question posée : Comment entraîner des modèles robustes malgré le manque d'annotations expertes ?

Notre réponse : L'approche de génération de données synthétiques via processus ponctuels spatiaux, combinée à une stratégie de transfer learning (pré-entraînement sur synthétiques, fine-tuning sur réels), a permis une amélioration des performances de 8% en moyenne.

6.1.1.3 Verrou 3 : Robustesse et généralisation

Question posée : Comment assurer la robustesse aux variations expérimentales et la généralisation inter-laboratoires ?

Notre réponse : L'utilisation d'architectures équivariantes E(3) garantit l'invariance parfaite aux transformations géométriques, sans dépendre d'augmentation de données. Les stratégies de normalisation multi-niveaux (intensités, features, coordonnées) améliorent la robustesse aux variations d'acquisition.

6.1.2 Avancées méthodologiques

Au-delà des verrous spécifiques, cette thèse apporte plusieurs contributions méthodologiques transférables.

6.1.2.1 Pipeline intégré et modulaire

Le pipeline de bout en bout développé dans cette thèse se distingue par son intégration cohérente de chaque étape du traitement, depuis l'acquisition des images jusqu'à la prédiction finale. Cette intégration systématique commence par un prétraitement robuste spécifiquement adapté aux particularités des organoïdes, suivi d'une segmentation cellulaire de pointe que nous avons optimisée pour le passage à l'échelle. Le pipeline extrait ensuite des features riches et biologiquement informatives capturant à la fois les propriétés morphologiques des cellules individuelles et leur organisation collective. La construction des graphes géométriques est réfléchie et calibrée pour préserver les relations de voisinage biologiquement significatives. Enfin, la classification par GNN atteint des performances élevées, avec GAT comme meilleur modèle en termes de performances brutes et EGNN offrant un trade-off avantageux pour la robustesse géométrique. Cette intégration holistique, plutôt qu'un assemblage ad hoc d'outils hétérogènes, assure cohérence méthodologique et optimisabilité conjointe de l'ensemble.

6.1.2.2 Méthodologie de génération synthétique validable

L'approche de génération basée sur les processus ponctuels spatiaux que nous avons développée présente des avantages méthodologiques qui dépassent le cadre strict de cette thèse. Le contrôle fin offert par cette approche permet de régler directement les paramètres des processus pour obtenir des propriétés statistiques spatiales ciblées, créant ainsi un pont explicite entre théorie stochastique et pratique expérimentale. Contrairement aux méthodes génératives neuronales qui nécessitent des dizaines de milliers d'exemples réels pour l'entraînement, notre approche permet une génération illimitée d'échantillons sans autre contrainte que la capacité computationnelle, ouvrant la voie à des études de robustesse et de sensibilité exhaustives.

La transférabilité de cette méthodologie constitue un autre atout majeur : elle s'applique naturellement à d'autres structures biologiques présentant une organisation sphérique ou ellipsoïdale, telles que les sphéroïdes tumoraux multicellulaires, les embryons précoces au stade morula ou blastocyste, ou encore les agrégats cellulaires auto-organisés. Cette généralité méthodologique

suggère que l'approche pourrait devenir un outil standard pour pallier la rareté des données annotées dans de multiples domaines de la biologie cellulaire 3D.

6.1.3 Résultats expérimentaux majeurs

6.1.3.1 Quantification des gains

Les résultats expérimentaux présentés au Chapitre 5 démontrent de manière convergente l'efficacité de notre approche sur plusieurs axes complémentaires. Sur les données synthétiques, qui servent de terrain d'évaluation contrôlé où la vérité terrain est parfaitement connue, nous avons comparé plusieurs architectures. GAT (Graph Attention Network) obtient les meilleures performances avec un R^2 de 0.928 pour la régression du coefficient de clustering, suivi de DeepSets ($R^2 = 0.908$) et d'EGNN ($R^2 = 0.915$). Ce résultat démontre l'efficacité du mécanisme d'attention pour pondérer les contributions des voisins. EGNN présente un trade-off intéressant : des performances légèrement inférieures mais une garantie d'équivariance E(3) cruciale. Des tests contrôlés confirment qu'EGNN maintient ses performances sous rotations arbitraires (dégradation quasi-nulle) tandis que GAT subit une dégradation majeure ($\times 3.6$), validant l'intérêt de l'équivariance architecturale.

Sur les données réelles d'organoïdes de prostate, nous avons sélectionné 500 organoïdes bien différenciés (250 par classe) parmi les 2272 extraits, garantissant la qualité des annotations. Le modèle atteint 89.3% d'accuracy, surpassant substantiellement l'approche baseline avec descripteurs manuels et Random Forest (72.4%). Cette supériorité empirique valide l'hypothèse centrale de la thèse : la représentation par graphes géométriques, combinée à des architectures GNN appropriées, constitue un choix architectural optimal pour cette famille de problèmes.

La stratégie de transfer learning via données synthétiques s'avère particulièrement fructueuse, réduisant de 75% le besoin en données réelles annotées tout en accélérant la convergence d'un facteur 3. Les 1772 organoïdes restants (présentant une incohérence entre label batch et morphologie observée) sont réservés pour des approches non supervisées futures permettant de découvrir la vraie structure morphologique sans biais des labels bruités.

L'efficacité computationnelle constitue un autre atout pratique décisif pour l'adoption de notre approche. En mode batch optimisé sur GPU, le throughput atteint plus de 200 organoïdes par minute, avec une empreinte mémoire réduite (8 Go GPU), rendant envisageable le criblage à très haut débit de dizaines de milliers d'échantillons en parallèle. La représentation par graphes offre une compression drastique comparée aux volumes 3D bruts, réduisant l'empreinte mémoire d'un facteur 1000 et permettant le traitement de larges cohortes sur infrastructure standard.

6.1.4 Apports pour la communauté scientifique

Au-delà des contributions scientifiques et méthodologiques, cette thèse vise un impact pratique par la mise à disposition du code développé.

6.1.4.1 Code open-source

Le framework complet développé au cours de cette thèse est disponible en open-source sur GitHub sous licence MIT, permettant une adoption libre tant académique qu'industrielle. Le dépôt contient le code source des implémentations de plusieurs architectures GNN (GCN, GAT, Deep-

Sets, EGNN), le pipeline de génération de données synthétiques par processus ponctuels, ainsi que les scripts de prétraitement et d'entraînement.

Cette mise à disposition permet à d'autres chercheurs de reproduire les résultats présentés, d'adapter le pipeline à leurs propres données d'organoïdes ou structures cellulaires 3D similaires, et de s'appuyer sur ces implémentations de référence pour leurs propres développements méthodologiques.

6.1.4.2 Méthodologie générale transposable

Si cette thèse cible principalement les organoïdes de prostate, les principes méthodologiques développés présentent un fort potentiel de généralisation. La représentation par graphes géométriques et la génération synthétique de données via processus ponctuels peuvent en effet s'appliquer à de nombreux systèmes où la structure spatiale et les interactions locales déterminent des propriétés globales — bien au-delà du contexte biologique précis. De même, la stratégie de transfer learning fondée sur un pré-entraînement sur des données synthétiques contrôlées suivie d'un affinage sur un petit jeu de données réelles, constitue une approche robuste et transposable chaque fois que la labellisation manuelle est limitée, coûteuse ou difficilement reproductible.

6.2 Limitations et défis

Malgré les succès démontrés, plusieurs limitations persistent.

6.2.1 Généralisabilité à différents types d'organoïdes

6.2.1.1 Spécificité actuelle

Notre développement et validation ont porté principalement sur les organoïdes de prostate, dont la structure relativement sphérique et la composition cellulaire modérément hétérogène facilitent l'application de nos méthodes. La généralisation à d'autres types d'organoïdes nécessitera des adaptations substantielles, chaque système biologique présentant ses propres défis spécifiques.

Les organoïdes cérébraux, par exemple, posent des difficultés considérablement plus grandes. Leurs morphologies irrégulières et non-sphériques violent les hypothèses géométriques soutenant nos processus ponctuels sur sphère. L'hétérogénéité cellulaire extrême, avec des dizaines de types neuronaux distincts (neurones glutamatergiques, GABAergiques, dopaminergiques, cellules gliales, progéniteurs), complexifie drastiquement la segmentation et l'extraction de features. Les tailles extrêmement variables, allant de quelques dizaines de cellules à plus de 10,000 pour les organoïdes matures, posent des défis de scalabilité computationnelle. Enfin, la nécessité d'une segmentation multi-classe distinguant les différents types cellulaires, plutôt qu'une simple détection de noyaux, augmente considérablement la complexité du pipeline amont.

Les organoïdes hépatiques présentent un défi architectural différent. Leur organisation caractéristique en travées (cordons cellulaires radiaux mimant l'architecture lobulaire du foie) plutôt qu'en sphéroïdes compacts rend nos processus ponctuels sur surface sphérique inadaptés. De plus, pour ces structures dont la fonction métabolique prime sur la morphologie, les features fonctionnelles (sécrétion d'albumine, métabolisme de xénobiotiques, synthèse d'urée) sont potentiellement plus discriminantes que les caractéristiques purement spatiales capturées par nos graphes géométriques.

6.2.1.2 Stratégies d'adaptation

L'adaptation de notre approche à chaque nouveau type d'organoïde nécessiterait une procédure systématique en plusieurs étapes séquentielles. Le fine-tuning du modèle Cellpose de segmentation sur environ 50 à 100 exemples annotés manuellement du nouveau type permettrait d'adapter l'étape critique de détection cellulaire aux morphologies spécifiques. L'adaptation des features cellulaires extraites devrait tenir compte des marqueurs d'imagerie spécifiques à chaque organe et des caractéristiques morphologiques discriminantes propres au système considéré. La re-calibration des paramètres de construction de graphes, notamment le nombre de voisins k et les stratégies de normalisation spatiale, optimiseraient la représentation pour la densité et l'organisation particulières du nouveau type. La génération de données synthétiques adaptées nécessiterait de définir des processus ponctuels et des géométries support cohérents avec l'architecture caractéristique observée. Enfin, une validation biologique spécifique par des experts du domaine concerné assurerait la pertinence des prédictions et explications produites dans ce nouveau contexte.

6.2.2 Scalabilité aux très grands organoïdes

6.2.2.1 Limites actuelles

Notre implémentation actuelle gère efficacement des organoïdes contenant jusqu'à environ 1500 cellules, ce qui couvre la majorité des cas typiques rencontrés en pratique. Au-delà de cette taille, plusieurs goulots d'étranglement computationnels apparaissent progressivement. Les graphes deviennent très denses, comptant fréquemment plus de 15,000 arêtes pour les structures les plus grandes, ce qui multiplie le nombre d'opérations de message passing à effectuer. La mémoire GPU requise augmente significativement, potentiellement de manière quadratique dans le pire cas si tous les nœuds interagissent, limitant la taille maximale de batch traitable. Le temps d'inférence croît linéairement avec le nombre d'arêtes, rallongeant le traitement des très grands organoïdes et réduisant le throughput global.

6.2.2.2 Solutions techniques

Plusieurs stratégies complémentaires permettraient de surmonter ces limitations de scalabilité. Les techniques d'échantillonnage de graphes telles que GraphSAINT, qui échantillonne stochastiquement des sous-graphes durant l'entraînement tout en préservant les propriétés statistiques essentielles, ou Cluster-GCN, qui partitionne le graphe en clusters traités séparément, réduiraient la complexité computationnelle sans dégrader substantiellement la qualité d'apprentissage.

Les architectures hiérarchiques exploiteraient explicitement la structure multi-échelle. Le pooling hiérarchique via DiffPool ou TopK réduirait progressivement la taille du graphe à travers les couches, créant des super-nœuds représentant des groupes de cellules et permettant au modèle de raisonner à des niveaux d'abstraction croissants. Une approche multi-résolution traiterait d'abord le niveau cellulaire fin puis agrégerait vers des super-cellules pour les couches supérieures, capturant simultanément détails locaux et patterns globaux.

Des approximations intelligentes offrent une voie pragmatique. Le sous-échantillonnage spatial des cellules, s'il préserve la diversité géographique en échantillonnant uniformément à travers l'organoïde, peut réduire drastiquement la taille du problème sans perte informationnelle majeure. Les graphes adaptatifs à connectivité variable, denses dans les régions hétérogènes informatives et

épars dans les régions homogènes redondantes, optimiseraient l’allocation des ressources computationnelles vers les zones porteuses d’information discriminante.

6.2.3 Robustesse aux variations d’acquisition

6.2.3.1 Limitations observées

Les tests de généralisation inter-laboratoires, lorsqu’ils ont pu être conduits, révèlent une dégradation mesurable de performance lorsque le modèle est appliqué à des données acquises dans des conditions différentes de celles d’entraînement. Les microscopes différents, avec leurs résolutions, qualités optiques et fonctions de transfert spécifiques, introduisent des variations systématiques dans les images résultantes. Les protocoles de marquage hétérogènes, variant dans le choix des anticorps, leurs concentrations, les temps d’incubation, produisent des profils d’intensité et des rapports signal-sur-bruit substantiellement différents. Les conditions de culture variables, incluant les lots de Matrigel dont la composition peut fluctuer, les nombres de passages cellulaires affectant les propriétés phénotypiques, créent une variabilité biologique réelle en plus de la variabilité technique d’acquisition.

6.2.3.2 Domain adaptation

Plusieurs stratégies méthodologiques permettraient d’améliorer substantiellement la robustesse de notre approche à ces variations inter-sites. Les techniques de domain adaptation adversariale, telles que DANN (Domain-Adversarial Neural Networks), aligneraient les distributions de features extraits entre domaines source (entraînement) et target (application) via un discriminateur de domaine entraîné adversarialement, forçant le réseau à apprendre des représentations invariantes au site d’acquisition.

Le multi-source learning, entraînant simultanément sur des données provenant de plusieurs laboratoires avec leurs protocoles respectifs, encouragerait l’émergence de features robustes capturant les invariants biologiques plutôt que les artefacts techniques site-spécifiques. Le meta-learning, apprenant explicitement à s’adapter rapidement à de nouveaux domaines à partir de quelques exemples seulement, permettrait un déploiement flexible dans de nouveaux laboratoires avec un coût de calibration minimal. Enfin, des stratégies de normalisation avancées telles que la batch normalization conditionnée par domaine ou l’instance normalization, normalisant indépendamment chaque échantillon, atténuerait les variations systématiques d’intensité et de contraste tout en préservant l’information biologique relative.

6.2.4 Dépendance à la segmentation

6.2.4.1 Erreurs propagées

Notre approche présente une dépendance intrinsèque à la qualité de la segmentation cellulaire amont, puisque la construction même du graphe nécessite l’identification préalable des cellules individuelles comme entités distinctes. Les expériences d’ablation ont démontré qu’une segmentation de qualité dégradée, avec un coefficient de Dice tombant à 0.70 au lieu de 0.85+, cause une chute de performance d’environ 12 points de pourcentage. Cette sensibilité est structurelle : des erreurs de sur-segmentation créent des nœuds artificiels parasites, tandis que des erreurs de sous-segmentation fusionnent des cellules distinctes en entités uniques mal définies, perturbant dans les deux cas la topologie du graphe et les features extraits.

6.2.4.2 Voies d'amélioration

Plusieurs voies méthodologiques permettraient de mitiger cette limitation. L'apprentissage conjoint (joint learning) de la segmentation et de la classification dans un framework end-to-end unifié créerait un couplage bidirectionnel bénéfique : le modèle de classification, recevant des gradients d'erreur, pourrait rétropropager des signaux guidant ou corrigent la segmentation vers des configurations optimisant la tâche finale plutôt que simplement maximisant un score de segmentation local.

Développer une robustesse intrinsèque au bruit de segmentation constitue une approche complémentaire. Augmenter le dropout d'arêtes durant l'entraînement simulerait stochastiquement des erreurs de segmentation (cellules manquantes, voisnages incorrects), forçant le modèle à apprendre des représentations résilientes. Employer des opérations de pooling robustes, utilisant des médianes plutôt que moyennes ou des agrégations pondérées par confiance, atténuerait l'influence d'outliers dus à des cellules mal segmentées. Les ensembles de segmentations, moyennant les prédictions sur plusieurs segmentations légèrement différentes obtenues par variations des hyperparamètres, exploiteraient la diversité pour améliorer la robustesse.

Enfin, explorer des approches partiellement segmentation-free, s'appuyant sur du clustering soft produisant des probabilités d'appartenance floues plutôt que des assignations binaires, ou construisant des graphes sur des superpixels plutôt que des cellules strictement délimitées, pourrait relâcher la contrainte de segmentation parfaite tout en préservant suffisamment de structure spatiale pour l'apprentissage par GNN.

6.2.5 Coût initial d'annotation

Bien que notre stratégie de pré-entraînement sur données synthétiques réduise drastiquement le besoin en annotations expertes comparativement à un entraînement from scratch, un minimum incompréhensible demeure nécessaire. Environ 100 à 200 organoïdes annotés manuellement par des experts biologistes sont requis pour le fine-tuning effectif du modèle pré-entraîné sur le domaine réel cible, pour établir un ensemble de validation permettant d'évaluer objectivement les performances et détecter un éventuel sur-apprentissage, et potentiellement pour affiner le modèle Cellpose de segmentation si les morphologies cellulaires du nouveau type d'organoïde s'écartent significativement de celles du dataset d'entraînement initial de Cellpose.

Ce coût initial, représentant typiquement 20 à 40 heures de temps expert hautement qualifié et coûteux, peut constituer une barrière substantielle pour certaines applications exploratoires à ressources limitées, ou dans des contextes où l'accès à l'expertise biologique pertinente est restreint.

Plusieurs pistes méthodologiques prometteuses permettraient de réduire davantage ce coût résiduel. L'active learning, sélectionnant itérativement les échantillons les plus informatifs à annoter selon des critères d'incertitude ou de diversité, concentrerait l'effort d'annotation sur les exemples maximisant le gain informationnel plutôt que de collecter des annotations uniformément. La weak supervision, utilisant des labels grossiers au niveau de batches ou groupes d'organoïdes plutôt qu'au niveau individuel fin, réduirait la granularité et donc le temps requis pour chaque annotation. Le self-supervised learning, pré-entraînant via des tâches auto-supervisées ne nécessitant aucune annotation (prédiction de rotations appliquées, reconstruction de parties masquées), pourrait améliorer encore les représentations initiales et réduire le nombre d'exemples supervisés nécessaires pour la convergence du fine-tuning.

6.2.6 Limitations méthodologiques

6.2.6.1 Absence de validation statistique des données synthétiques

Notre approche de génération de données synthétiques par processus ponctuels, bien que théoriquement fondée sur des modèles stochastiques établis (Poisson homogène et Matérn cluster), n'a pas bénéficié d'une validation statistique rigoureuse comparativement aux données réelles. Cette validation aurait requis l'adaptation de fonctions de statistiques spatiales classiques (K de Ripley, fonctions F et G) aux surfaces courbes sphériques et ellipsoïdales sur lesquelles nos organoïdes sont générés, ainsi que la définition de métriques de distance appropriées entre processus ponctuels tridimensionnels.

Sans cette validation formelle, nous ne pouvons garantir que les propriétés statistiques spatiales des synthétiques (distributions de distances inter-cellulaires, degrés de clustering, homogénéité vs hétérogénéité spatiale) correspondent quantitativement aux distributions observées dans les organoïdes réels. Cette limitation pourrait affecter l'efficacité du transfer learning : si un domain gap substantiel existe entre les patterns spatiaux synthétiques et réels, le pré-entraînement pourrait être sous-optimal.

Cependant, les gains empiriques de performance observés lors du fine-tuning (amélioration de +8.3% accuracy, convergence 3x plus rapide) suggèrent que, même sans validation formelle, les synthétiques capturent suffisamment de structure spatiale pertinente pour être utiles. Une validation statistique rigoureuse constitue néanmoins une perspective méthodologique prioritaire pour quantifier précisément le réalisme des synthétiques et potentiellement améliorer leur génération.

6.2.6.2 Absence d'analyse d'interprétabilité

Cette thèse n'inclut pas d'analyse d'interprétabilité permettant d'identifier quelles cellules individuelles, quelles régions spatiales, ou quels motifs topologiques contribuent le plus aux prédictions du modèle. Les techniques classiques d'interprétation pour GNN — GradCAM adapté aux graphes (calcul des gradients de la prédiction par rapport aux features de nœuds), analyse des poids d'attention dans les couches GAT, perturbation analysis supprimant itérativement des nœuds ou arêtes — n'ont pas été implémentées et appliquées systématiquement à nos résultats.

Cette limitation a plusieurs conséquences importantes. D'abord, elle empêche la validation biologique des patterns appris : sans identifier les cellules ou régions jugées importantes par le modèle, nous ne pouvons vérifier si elles correspondent effectivement aux zones de prolifération, différenciation ou organisation morphologique connues pour être discriminantes entre phénotypes. Ensuite, elle limite l'acceptabilité et la confiance que les biologistes peuvent accorder aux prédictions : un modèle "boîte noire" dont les décisions ne peuvent être explicitées reste difficile à adopter en pratique, particulièrement dans des contextes biomédicaux où la compréhension mécanistique prime sur la simple performance prédictive. Enfin, elle prive l'étude d'un retour qualitatif riche sur les biomarqueurs spatiaux potentiellement discriminants, information précieuse pour orienter des investigations biologiques ultérieures.

Le focus de cette thèse était principalement sur l'établissement de la preuve de concept méthodologique (représentation par graphes, architectures GNN, génération synthétique, transfer learning) et la comparaison quantitative de performances. L'interprétabilité, bien que reconnue comme essentielle pour un déploiement réel, a été identifiée comme un axe de recherche complémentaire nécessitant des développements algorithmiques spécifiques et une validation interdisciplinaire avec des experts biologistes. Elle constitue une perspective prioritaire à court terme pour

transformer notre prototype de recherche en outil véritablement exploitable par la communauté biologique.

6.3 Perspectives à court terme

6.3.1 Extensions méthodologiques

6.3.1.1 Incorporation de contexte multi-échelles

L'approche actuelle traite chaque organoïde isolément à une échelle d'analyse unique, celle des cellules individuelles. Plusieurs extensions naturelles permettraient d'enrichir cette représentation en capturant simultanément plusieurs niveaux d'organisation structurelle. Les graphes hiérarchiques, où des nœuds à différents niveaux représentent respectivement les cellules individuelles, des régions intermédiaires agrégées, et l'organoïde dans sa globalité, permettraient au modèle d'apprendre des patterns discriminants à chacune de ces échelles et leurs interactions. L'extraction de features multi-résolution capturerait simultanément des motifs locaux (voisinage immédiat d'une cellule), méso-scopiques (organisation de groupes cellulaires), et globaux (symétrie, compacité d'ensemble). Une stratégie coarse-to-fine pourrait améliorer l'efficacité computationnelle en effectuant d'abord une prédiction grossière rapide sur une représentation simplifiée, puis en raffinant cette prédiction uniquement pour les cas ambigus ou critiques, allouant ainsi les ressources de calcul de manière adaptative.

6.3.1.2 Architectures avancées

Plusieurs directions architecturales prometteuses pourraient étendre les capacités de modélisation. Les Graph Transformers, remplaçant le message passing local par des mécanismes d'attention globale où chaque nœud peut directement interagir avec tous les autres via des biases positionnels 3D encodant la géométrie, offrent un potentiel théorique supérieur pour capturer des dépendances à longue distance et des patterns complexes non-locaux. Leur complexité computationnelle quadratique en nombre de nœuds pourrait cependant limiter leur applicabilité pratique aux organoïdes de très grande taille, à moins d'employer des techniques d'attention éparse ou approximée.

L'exploration d'équivariances d'ordre supérieur constitue une autre piste théorique stimulante. Au-delà de l'équivariance $E(3)$ aux rotations et translations que nous avons exploitée, on pourrait considérer des transformations additionnelles biologiquement pertinentes : les changements d'échelle isotropes reflétant la variabilité de taille entre organoïdes, ou même des déformations élastiques modélisant les variations morphologiques naturelles sans altération qualitative du phénotype.

Enfin, les architectures dynamiques, adaptant automatiquement leur profondeur ou leur largeur en fonction de la taille et de la complexité intrinsèque de chaque organoïde via des mécanismes d'early-exit ou d'adaptive computation, pourraient optimiser le compromis précision-efficacité de manière individuelle plutôt qu'uniforme, allouant plus de capacité computationnelle aux cas difficiles et moins aux cas évidents.

6.3.1.3 Amélioration de la génération synthétique

L'approche de génération par processus ponctuels démontrée dans cette thèse, bien qu'efficace, pourrait être substantiellement enrichie par l'incorporation de modèles stochastiques plus sophis-

tiqués. Les processus log-gaussiens permettraient de modéliser des corrélations spatiales à longue portée dans l'intensité cellulaire, capturant par exemple les gradients biologiques induits par la diffusion d'oxygène depuis la périphérie. Les processus à interactions multiples, combinant attractions locales (adhésion cellulaire) et répulsions à distance (exclusion stérique, compétition pour les ressources), reproduiraient plus fidèlement la complexité des mécanismes d'auto-organisation cellulaire. Les processus non-stationnaires, dont les paramètres varient spatialement, modéliseraient les gradients de prolifération, différenciation ou mort cellulaire observés dans les organoïdes réels, avec typiquement une zone proliférative périphérique et un cœur nécrotique.

L'extension à des géométries non-sphériques ouvrirait l'applicabilité de l'approche à une plus large gamme de structures biologiques. Les ellipsoïdes ou cylindres conviendraient aux organoïdes intestinaux ou rénaux tubulaires, tandis que des surfaces de genre topologique supérieur (tores) pourraient modéliser des structures creuses complexes. À terme, développer des processus ponctuels sur variétés riemannniennes générales permettrait une flexibilité géométrique maximale.

Enfin, la simulation réaliste de marqueurs d'imagerie doit évoluer au-delà des intensités aléatoires actuelles. Modéliser explicitement les corrélations biologiques entre position spatiale, morphologie cellulaire et expression de marqueurs — par exemple des cellules Ki67-positives concentrées en périphérie pour refléter la prolifération, ou des marqueurs de différenciation gradués radialement — renforcerait le réalisme biologique et donc l'efficacité du transfer learning.

6.3.1.4 Caractérisation morphologique par alpha-shapes

Une perspective méthodologique prometteuse consiste à enrichir la représentation des organoïdes par des descripteurs de forme globale basés sur la théorie des alpha-shapes. Cette approche géométrique computationnelle, introduite par Edelsbrunner et collaborateurs, permet de reconstruire une enveloppe externe précise d'un nuage de points 3D en contrôlant finement le niveau de détail capturé via le paramètre α .

Principe des alpha-shapes :

Contrairement à l'enveloppe convexe classique qui englobe tous les points dans le polyèdre convexe minimal, les alpha-shapes permettent de modéliser des formes non-convexes en autorisant des concavités contrôlées. Le paramètre α définit le rayon d'une sphère de sondage : seules les régions de l'espace accessibles à une sphère de rayon α sans toucher de points font partie de l'intérieur de la forme. Géométriquement, l'alpha-shape pour un paramètre α donné correspond à l'union des simplexes de Delaunay (tétraèdres en 3D) dont la sphère circonscrite a un rayon inférieur ou égal à α .

Cette paramétrisation offre une famille de formes imbriquées : pour $\alpha \rightarrow \infty$, on retrouve l'enveloppe convexe complète ; pour α petit, la forme capture les irrégularités fines et les protubérances locales caractéristiques des organoïdes choux-fleurs ; pour α très petit, on obtient les points individuels isolés.

Applications aux organoïdes :

Pour les organoïdes, les alpha-shapes permettraient d'extraire des descripteurs de forme globale complémentaires à notre analyse cellulaire locale actuelle. Le volume de l'alpha-shape caractériserait la compacité globale et la présence de cavités internes, tandis que l'aire de surface externe quantifierait la rugosité et l'irrégularité morphologique. Le ratio surface/volume discriminerait les formes compactes sphériques (cystiques) des formes irrégulières avec protubérances (choux-fleurs). La courbure moyenne et gaussienne calculées sur la surface de l'alpha-shape localiseraient les régions de forte déformation morphologique, signalant potentiellement des zones

de prolifération active. La distribution des courbures locales fournirait une signature statistique globale de la complexité morphologique.

Ces descripteurs morphologiques globaux pourraient enrichir le vecteur de features au niveau graphe, soit par concaténation avec le pooling global des embeddings de nœuds, soit via un mécanisme d’attention pondérant leur contribution relative à la prédiction finale. Cette approche hybride combinerait les forces complémentaires de l’analyse locale cellulaire (via les GNN sur graphes) et de la caractérisation morphologique globale (via les alpha-shapes), capturant simultanément l’organisation interne et la forme externe des organoïdes.

Défis techniques :

L’application pratique nécessitera de résoudre plusieurs défis méthodologiques. La sélection du paramètre α optimal, probablement par validation croisée ou via des critères géométriques (nombre de composantes connexes, ratio volume/volume convexe), conditionne la qualité des descripteurs extraits. Le calcul efficace des alpha-shapes pour des milliers d’organoïdes requiert des implémentations optimisées exploitant la triangulation de Delaunay sous-jacente. La robustesse au bruit de segmentation et aux cellules aberrantes doit être évaluée systématiquement, potentiellement via prétraitement par outlier removal. Enfin, l’extension aux formes ellipsoïdales plutôt que sphériques, plus représentatives de certains types d’organoïdes, nécessiterait des adaptations algorithmiques.

Cette direction méthodologique s’inscrit naturellement dans notre framework existant, enrichissant la représentation graphique cellulaire par une caractérisation géométrique globale complémentaire, et offrant potentiellement une amélioration des performances de classification via l’exploitation de cette information multi-échelle.

6.3.2 Intégration de données multi-modales

6.3.2.1 Transcriptomique spatiale

Les technologies émergentes de transcriptomique spatiale telles que Visium, MERFISH, seqFISH ou Slide-seq révolutionnent actuellement la biologie cellulaire en permettant de mesurer l’expression de dizaines voire de milliers de gènes tout en préservant l’information spatiale à résolution cellulaire ou sub-cellulaire. L’intégration de ces données moléculaires dans notre framework graphique constitue une extension naturelle particulièrement prometteuse : chaque nœud du graphe, représentant une cellule ou un spot spatial, serait enrichi non seulement de ses caractéristiques morphologiques et photométriques actuelles mais également de son profil transcriptomique complet, typiquement un vecteur de 100 à 1000 dimensions encodant l’expression relative de gènes sélectionnés.

Plusieurs architectures de GNNs multi-modaux pourraient fusionner efficacement ces modalités complémentaires. La fusion précoce, concaténant simplement les features spatiales et génomiques en entrée, offre simplicité mais peut diluer l’information dans des vecteurs de très haute dimensionnalité. La fusion tardive, maintenant des branches de traitement séparées pour chaque modalité et les fusionnant uniquement au niveau du pooling global, préserve mieux les spécificités de chaque source d’information. Les mécanismes d’attention cross-modal, pondérant adaptativement l’importance relative de chaque modalité selon le contexte, représentent l’approche la plus flexible et potentiellement la plus performante.

Les applications biologiques d’une telle intégration sont multiples et transformatrices : identification de niches cellulaires définies par des signatures spatiales et transcriptomiques conjointes,

prédition de trajectoires de différenciation basée sur l'évolution coordonnée de l'expression génique et de la position spatiale, ou encore découverte de patterns spatiaux-transcriptomiques entièrement nouveaux inaccessibles aux approches uni-modales traditionnelles.

6.3.2.2 Imagerie multiplexée

Les approches d'imagerie multiplexée hautement parallèle telles que CyCIF (Cyclic Immuno-fluorescence), CODEX ou IMC (Imaging Mass Cytometry) permettent désormais d'imager simultanément plus de 40 marqueurs protéiques sur un même échantillon, offrant une résolution phénotypique sans précédent au niveau cellulaire individuel. L'intégration de telles données enrichirait dramatiquement les vecteurs de features de chaque nœud, passant de quelques dimensions morphologiques à 50-100 dimensions capturant des signatures cellulaires multiparamétriques fines.

Cette richesse informationnelle s'accompagne cependant de défis méthodologiques significatifs. La haute dimensionnalité résultante peut induire un phénomène de malédiction dimensionnelle (curse of dimensionality) où les distances entre points deviennent moins discriminatives dans l'espace à haute dimension, compliquant l'apprentissage. La sélection judicieuse de sous-ensembles de marqueurs pertinents pour la tâche considérée devient cruciale, nécessitant idéalement une approche d'apprentissage de features ou de sélection automatique. La normalisation cross-marqueurs, compensant les différences d'intensité intrinsèque, de dynamique et de bruit entre canaux, requiert des stratégies sophistiquées adaptées à la nature spécifique de chaque modalité d'imagerie.

Les techniques de réduction de dimensionnalité, qu'elles soient linéaires (PCA, NMF) ou non-linéaires (autoencoders variationnels, UMAP), appliquées en amont de la construction du graphe, constituent une solution prometteuse pour extraire les axes de variation phénotypique essentiels tout en préservant la structure informationnelle pertinente.

6.3.2.3 Données temporelles

L'imagerie time-lapse en microscopie vivante capture la dynamique continue de développement des organoïdes sur des périodes de plusieurs heures à plusieurs jours, offrant un accès sans précédent aux processus biologiques temporels : croissance, réorganisation, différenciation, réponse à des perturbations. L'extension de notre framework à la dimension temporelle représente une direction particulièrement riche, transformant la tâche de classification statique en analyse de séquences spatio-temporelles.

Une représentation naturelle consisterait à modéliser les données comme une séquence de graphes $\{G_t\}_{t=0}^T$ où chaque G_t capture l'état de l'organoïde à l'instant t , avec potentiellement des correspondances cellule-à-cellule entre instants successifs obtenues par tracking. Des architectures de GNN récurrents, combinant les opérations de message passing spatial avec des mécanismes de mémoire temporelle (GRU, LSTM), captureraient simultanément les dépendances spatiales intra-graph et les évolutions temporelles inter-graphes. Ces modèles permettraient non seulement la classification de séquences complètes mais également la prédition de trajectoires futures, l'identification de transitions phénotypiques critiques, ou la détection d'anomalies développementales par comparaison à des dynamiques de référence.

Les applications pratiques d'une telle capacité d'analyse temporelle sont nombreuses et cliniquement significatives. La prédition précoce de réponse à un traitement, potentiellement détectable avant même que des changements morphologiques ne deviennent visibles à l'œil humain,

permettrait d'ajuster rapidement les protocoles thérapeutiques. La modélisation fine des cinétiques de croissance révélerait des signatures dynamiques caractéristiques de différents phénotypes ou états pathologiques. L'identification automatique de points de bifurcation développementaux, moments critiques où l'organoïde s'engage dans une trajectoire phénotypique particulière, éclairerait les mécanismes fondamentaux de différenciation et d'auto-organisation.

6.3.3 Validation clinique

6.3.3.1 Études prospectives

Le passage du laboratoire de recherche à l'application clinique effective nécessite une validation rigoureuse selon les standards de la médecine translationnelle. Une étude prospective bien conçue recruterait une cohorte substantielle de 100 à 500 patients dont les biopsies serviraient à dériver des organoïdes tumoraux personnalisés. Notre modèle prédirait la réponse thérapeutique de chaque patient sur la base de l'analyse de ses organoïdes, et ces prédictions seraient systématiquement confrontées aux outcomes cliniques réels observés lors du suivi longitudinal des patients. Cette confrontation prédition-réalité constituerait le test ultime de l'utilité clinique de l'approche.

L'évaluation de performance devrait employer les métriques cliniques standards : sensibilité et spécificité pour la prédiction de réponse, valeurs prédictives positive et négative tenant compte de la prévalence réelle, courbes ROC permettant d'identifier des seuils de décision cliniquement actionnables optimisant le compromis entre détection et faux positifs, et idéalement le net reclassement improvement (NRI) quantifiant l'amélioration apportée par le modèle par rapport aux outils pronostiques existants. Ce dernier point est crucial : la valeur clinique ne se mesure pas dans l'absolu mais relativement aux alternatives disponibles.

6.3.3.2 Intégration dans workflows cliniques

L'adoption effective en contexte clinique impose cependant des contraintes réglementaires et pratiques substantielles. La certification en tant que dispositif médical diagnostique in vitro selon les réglementations européennes (IVDR) ou américaines (FDA) nécessiterait une documentation exhaustive de validation analytique et clinique, un système qualité conforme aux normes ISO 13485, et des études multicentriques démontrant la robustesse et la généralisation de l'approche à travers différents sites, équipements et protocoles. L'interface utilisateur devrait être spécifiquement adaptée aux praticiens, privilégiant simplicité, clarté et traçabilité sur flexibilité technique.

6.3.4 Développement d'outils utilisables

6.3.4.1 Interface graphique

La traduction de notre prototype de recherche, actuellement constitué de scripts Python nécessitant des compétences en programmation, en un outil réellement accessible aux biologistes expérimentaux constitue un enjeu majeur pour l'impact pratique. Une interface graphique (GUI) conviviale permettrait l'utilisation par simple glisser-déposer d'images, avec des configurations pré-paramétrées (presets) adaptées à différents types d'organoïdes, une visualisation 3D interactive facilitant l'exploration des résultats, et l'export automatique de rapports standardisés comprenant figures, tableaux récapitulatifs et statistiques pertinentes. Plusieurs technologies modernes se prêtent à un tel développement : frameworks desktop multiplateformes comme Qt ou Electron

pour des applications installables localement, ou applications web légères basées sur Streamlit ou Dash permettant un déploiement plus flexible via navigateur.

6.3.4.2 Plugin pour logiciels existants

Plutôt que de requérir l'adoption d'un nouvel outil isolé, l'intégration sous forme de plugins dans les logiciels déjà massivement utilisés par les biologistes réduirait drastiquement la barrière d'adoption. Un plugin napari offrirait visualisation et annotation interactives dans cet écosystème Python moderne en pleine expansion dans l'imagerie biologique. Une macro ImageJ/Fiji permettrait l'incorporation dans les innombrables pipelines existants s'appuyant sur ce logiciel historique. Un module CellProfiler donnerait accès à notre approche aux nombreux utilisateurs de cette plateforme populaire d'analyse d'images à haut débit. Cette stratégie d'intégration écologique maximiseraient la compatibilité avec les workflows établis.

6.3.4.3 Cloud deployment

Un déploiement cloud sous forme de service web élimineraient les contraintes d'installation locale, de dépendances logicielles et de disponibilité GPU. Les utilisateurs uploadereraient simplement leurs images, l'analyse s'effectuerait sur des serveurs dédiés bénéficiant de ressources computationnelles optimales, et les résultats seraient téléchargeables sous formats standards. Cette architecture offrirait également une scalabilité naturelle, permettant le traitement parallèle de milliers d'organoïdes pour des campagnes de criblage massif, avec allocation dynamique de ressources selon la demande. Pour les données cliniques sensibles soumises à contraintes de confidentialité strictes, des options de déploiement on-premise (sur site hospitalier ou institutionnel) préserveraient la sécurité tout en bénéficiant de l'architecture technique standardisée.

6.3.5 Apprentissage non supervisé pour organoïdes à labels incertains

6.3.5.1 Problématique du label noise

Notre dataset contient 1772 organoïdes qui n'ont pas été retenus pour l'apprentissage supervisé en raison d'une incohérence suspectée entre leurs labels batch et leur morphologie observée. Ces organoïdes sont étiquetés "choux-fleurs" car ils proviennent de batches expérimentaux ainsi désignés, mais leur morphologie réelle ressemble davantage au phénotype cystique. Cette incohérence reflète une limitation fondamentale de l'étiquetage par batch : les labels sont assignés en bloc selon les conditions de culture théoriques, sans validation morphologique individuelle systématique.

L'utilisation de ces organoïdes pour l'entraînement supervisé poserait deux problèmes majeurs. D'abord, le bruit de labels dégraderait les performances en forçant le modèle à apprendre des associations erronées entre morphologie et classe. Ensuite, l'ajout massif d'exemples cystiques mal étiquetés comme choux-fleurs accentuerait le déséquilibre de classes déjà existant en faveur de la classe cystique (qui est majoritaire même parmi les 500 organoïdes bien différenciés). Cette situation illustre une réalité biologique importante : les conditions de culture ne garantissent pas toujours le phénotype attendu, et une fraction substantielle d'organoïdes ne se différencie pas conformément au protocole appliqué.

L'intérêt de ces organoïdes pour l'apprentissage non supervisé est précisément qu'ils permettraient de découvrir la vraie structure morphologique sous-jacente sans être biaisé par les labels

batch potentiellement incorrects. Leur grand nombre (77% du dataset complet) en fait une ressource précieuse pour caractériser la variabilité phénotypique réelle produite par les protocoles de culture, indépendamment des intentions expérimentales initiales.

6.3.5.2 Clustering profond sur graphes

Les méthodes de deep clustering adapté aux graphes permettraient de découvrir automatiquement la vraie structure morphologique sans se fier aux labels batch potentiellement incorrects. Cette approche est particulièrement appropriée pour notre situation où les labels sont suspects : plutôt que de corriger manuellement 1772 organoïdes (tâche prohibitive nécessitant des centaines d'heures d'expertise), le clustering non supervisé pourrait révéler objectivement les groupes morphologiques naturels, permettant ensuite de quantifier l'ampleur réelle du label noise et potentiellement de récupérer les organoïdes correctement classés.

L'approche DEC (Deep Embedded Clustering) consiste à entraîner un auto-encodeur de graphes minimisant conjointement l'erreur de reconstruction et une loss de clustering (typiquement KL-divergence entre assignments soft et distribution cible), découvrant ainsi une partition naturelle du dataset. Le nombre optimal de clusters K pourrait être déterminé par analyse de silhouette ou critère BIC, explorant systématiquement $K \in [2, 10]$ pour identifier la granularité capturant au mieux la structure intrinsèque. Une analyse à $K = 2$ permettrait de comparer directement la partition découverte avec les labels batch originaux, quantifiant le taux de désaccord et identifiant les organoïdes potentiellement mal étiquetés.

Les Graph Autoencoders variationnels (VGAE) offrent une alternative probabiliste particulièrement élégante. L'encodeur GNN mappe chaque organoïde vers une distribution gaussienne dans un espace latent de faible dimension (typiquement 16-64 dimensions), tandis que le décodeur reconstruit le graphe depuis un échantillon latent. L'entraînement optimise la borne inférieure variationnelle (ELBO) combinant reconstruction fidèle et régularisation KL vers une prior gaussienne standard. Une fois entraîné, cet espace latent structuré permet le clustering via k-means ou GMM, la visualisation 2D par t-SNE ou UMAP révélant l'organisation phénotypique, et même la génération de nouveaux organoïdes synthétiques par échantillonnage dans le latent.

6.3.5.3 Apprentissage contrastif

Le contrastive learning sur graphes constitue une approche moderne particulièrement prometteuse pour apprendre des représentations robustes sans supervision explicite. Le principe repose sur l'apprentissage de représentations où organoïdes similaires sont proches dans l'espace latent tandis que dissimilaires sont éloignés, sans nécessiter de labels de similarité manuels.

SimCLR adapté aux graphes générera des paires d'augmentations pour chaque organoïde : rotations 3D aléatoires des coordonnées cellulaires, perturbations gaussiennes des positions, dropout d'arêtes ou de nœuds simulant erreurs de segmentation, ajout de bruit aux features. L'encodeur GNN partagé traite les deux versions augmentées, et la loss contrastive NT-Xent maximise l'accord entre représentations d'un même organoïde (paire positive) tout en minimisant la similarité avec tous les autres du batch (paire négative). Cette approche force le modèle à apprendre des invariances aux transformations choisies et à capturer l'essence structurelle plutôt que les détails superficiels.

GraphCL (Graph Contrastive Learning) étend cette idée avec des augmentations spécifiques aux graphes : node dropping, edge perturbation, attribute masking, ou même subgraph sampling.

Le modèle pré-entraîné ainsi obtenu servirait de feature extractor universel pour des tâches downstream variées, avec fine-tuning minimal sur les quelques centaines d'exemples annotés disponibles.

6.3.5.4 Apprentissage semi-supervisé

L'exploitation conjointe des 500 organoïdes annotés et des 1772 non annotés via apprentissage semi-supervisé permettrait d'améliorer simultanément les performances sur la tâche supervisée tout en découvrant une structure plus riche dans les données complètes.

Les Graph Convolutional Networks semi-supervisés propagent naturellement l'information de labels depuis les nœuds annotés vers les non-annotés à travers la structure du graphe. Pour nos organoïdes, on construirait un méta-graphe où chaque nœud représente un organoïde entier et les arêtes connectent organoïdes morphologiquement similaires (par exemple via k-NN dans l'espace des embeddings). Les labels connus se propagent alors via message passing, les organoïdes ambigus recevant des soft labels reflétant l'influence pondérée de leurs voisins annotés.

La pseudo-labeling itérative enrichirait progressivement le dataset supervisé. Le modèle entraîné sur les 500 annotés prédit des labels avec scores de confiance pour les 1772 ambigus. Les prédictions hautement confiantes (typiquement confiance > 0.9) sont ajoutées au training set avec leurs pseudo-labels, puis le modèle est ré-entraîné sur ce dataset augmenté. Ce processus itératif continue jusqu'à convergence ou épuisement des candidats confiants, améliorant graduellement la couverture et potentiellement les performances.

6.3.5.5 Découverte de phénotypes intermédiaires

Au-delà du clustering discret, l'analyse pourrait révéler l'existence d'un continuum phénotypique multidimensionnel plutôt qu'une simple partition en classes disjointes. Les trajectoires dans l'espace latent reliant les prototypes cystique et chou-fleur passeraient par des états intermédiaires caractérisables quantitativement, reflétant des degrés variables de plusieurs axes morphologiques indépendants : agrégation cellulaire, régularité spatiale, compacité globale, présence de protubérances.

Cette granularité accrue permettrait une annotation continue plutôt que catégorielle, plus fidèle à la réalité biologique et potentiellement plus prédictive pour des applications comme la réponse thérapeutique où des nuances morphologiques subtiles peuvent porter une signification pronostique. L'identification de biomarqueurs morphologiques continus, corrélables avec des mesures moléculaires ou des outcomes cliniques, offrirait une caractérisation quantitative riche des phénotypes d'organoïdes.

6.4 Perspectives à long terme

6.4.1 Analyse spatio-temporelle

6.4.1.1 Tracking cellulaire longitudinal

L'extension aux données time-lapse longitudinales nécessite en prérequis la résolution du problème complexe de tracking cellulaire : associer les mêmes cellules individuelles à travers les frames temporelles successives, problème combinatoire d'assignation compliqué par les événements biologiques stochastiques. Les divisions cellulaires (une cellule mère générant deux filles),

la mort cellulaire par apoptose (disparition d'une cellule), et les migrations tridimensionnelles créent des discontinuités de correspondance qu'il faut gérer robustement. Les approches classiques reposent sur l'algorithme hongrois résolvant optimalement l'assignation sous hypothèses simplificatrices, tandis que les méthodes récentes de deep learning (TrackMate, CellTracker, Ultrack) apprennent directement les correspondances depuis des données annotées.

Une fois le tracking effectué, les données se représentent naturellement comme une séquence de graphes temporels $G_{t_1}, G_{t_2}, \dots, G_{t_T}$ où les nœuds apparaissent (naissance, division), disparaissent (mort, sortie du champ), et évoluent continuellement en position et propriétés. Les architectures de GNN récurrents, fusionnant message passing spatial et mémoire temporelle via LSTM ou GRU, captureraient ces dynamiques couplées. Les Temporal Graph Networks (TGN), spécifiquement conçues pour graphes évoluant continûment dans le temps, et les mécanismes d'attention temporelle pondérant adaptivement l'influence d'instants passés, représentent des alternatives architecturales prometteuses pour cette modélisation spatio-temporelle conjointe.

6.4.1.2 Modélisation de dynamiques

La capacité à prédire les trajectoires futures des organoïdes constituerait un progrès majeur : étant donné une séquence d'observation initiale G_{t_0}, \dots, G_{t_k} , prédire l'évolution sur plusieurs horizons temporels futurs $G_{t_{k+1}}, \dots, G_{t_{k+h}}$, anticipant ainsi la croissance, la réorganisation ou la dégénérescence avant qu'elles ne surviennent effectivement. Cette prédition permettrait d'identifier précocelement des trajectoires développementales aberrantes ou des réponses thérapeutiques, bien avant que les changements ne deviennent macroscopiquement détectables.

L'identification automatique d'événements cellulaires discrets dans le flux temporel continu enrichirait également notre compréhension des dynamiques biologiques. La détection de divisions cellulaires, leur localisation spatiale et leur fréquence temporelle informeraient sur les zones prolifératives. L'identification de migrations directionnelles cohérentes révélerait des gradients chimio-attractants ou des phénomènes d'auto-organisation collective. La détection d'événements apoptotiques signalés par la disparition brutale de cellules permettrait de cartographier spatio-temporellement la mort cellulaire programmée.

Ces capacités d'analyse dynamique débloquent des applications cliniques et fondamentales majeures : prédition précoce de réponse à un traitement, détectable au niveau de modifications subtiles de cinétiques cellulaires avant tout changement morphologique macroscopique ; modélisation quantitative précise des cinétiques de croissance permettant de caractériser et comparer différentes conditions expérimentales ; identification de points critiques ou de bifurcations développementales où l'organoïde s'engage irréversiblement dans une voie de différenciation particulière.

6.4.2 Modèles génératifs de graphes

6.4.2.1 Génération d'organoïdes virtuels

Au-delà de nos processus ponctuels spatiaux qui constituent des générateurs explicites paramétriques, le développement de modèles génératifs apprenants capables de capturer automatiquement la distribution complexe des organoïdes réels ouvre des perspectives transformatrices. Les Graph Variational Autoencoders (VAE) proposeraient une approche probabiliste : un encodeur mappant chaque graphe vers une distribution latente de faible dimension, un décodeur reconstruisant un

graphe depuis un échantillon latent, l’entraînement optimisant conjointement la reconstruction fidèle et une régularisation KL imposant une structure latente régulière et interpolable.

Les Graph GANs adopteraient une stratégie adversariale : un générateur transformant du bruit aléatoire en graphes synthétiques, un discriminateur distinguant graphes réels et générés, l’entraînement adversarial poussant le générateur à produire des graphes indistinguables des réels selon le discriminateur. Cette compétition aboutit théoriquement à l’apprentissage implicite de la distribution réelle.

Les modèles de diffusion sur graphes, approche récente atteignant l’état de l’art en génération d’images et commençant à être adaptée aux structures graphiques, définissent un processus de diffusion forward ajoutant progressivement du bruit structurel au graphe (suppression d’arêtes, perturbation de features) jusqu’à destruction complète de l’information, et apprennent le processus inverse (denoising) permettant de reconstruire un graphe cohérent depuis du bruit pur. Cette approche offre flexibilité, stabilité d’entraînement et qualité de génération supérieure aux alternatives.

6.4.2.2 Applications des modèles génératifs

Les modèles génératifs de graphes débloquent des applications inaccessibles aux générateurs paramétriques explicites. L’augmentation de données avancée permettrait de générer des organoïdes interpolant continûment entre classes phénotypiques existantes, comblant les lacunes de l’espace des observations et renforçant la robustesse des classifieurs aux variations subtiles. Plus ambitieusement, l’exploration systématique de régions de l’espace morphologique non couvertes par les données réelles révélerait potentiellement des phénotypes théoriquement possibles mais jamais observés expérimentalement, guidant la recherche de nouvelles conditions de culture.

L’exploration *in silico* offrirait un terrain d’expérimentation virtuel à coût marginal nul. Générer systématiquement des organoïdes avec propriétés contrôlées (taille, densité cellulaire, degré de clustering, polarisation) et évaluer leur comportement prédit par les modèles identifierait les conditions optimales pour des applications spécifiques sans expérimentation physique coûteuse. Plus audacieusement, si les modèles génératifs capturent les principes organisationnels fondamentaux, ils pourraient prédire les effets de perturbations génétiques (knockouts, surexpressions) ou chimiques (drogues, inhibiteurs) directement dans l’espace latent appris, offrant un criblage virtuel préliminaire avant validation expérimentale.

Le design rationnel d’organoïdes optimiserait *in silico* les protocoles de culture pour obtenir des phénotypes désirés, naviguant dans l’espace latent appris pour identifier les paramètres générant les structures cibles, inversant ainsi le processus habituel d’essai-erreur expérimental.

6.4.3 Prédiction de réponse thérapeutique

6.4.3.1 Cadre d’application

La prédiction de réponse thérapeutique personnalisée constitue l’application clinique la plus ambitieuse et potentiellement la plus transformative de notre approche. Le workflow envisagé pour la médecine de précision articulerait plusieurs étapes séquentielles : une biopsie tumorale du patient servirait à générer des organoïdes tumoraux *ex vivo* portant ses caractéristiques génétiques et phénotypiques spécifiques ; ces organoïdes seraient traités en parallèle avec un panel de thérapies candidates (chimiothérapies, thérapies ciblées, immunothérapies) ; une imagerie 3D systématique avant et après traitement capturerait les changements morphologiques et organisationnels induits ;

notre modèle analyserait ces données pour prédire quantitativement la sensibilité ou résistance à chaque option thérapeutique ; ces prédictions guideraient finalement le choix du traitement optimal pour ce patient particulier, maximisant les chances de réponse tout en minimisant les toxicités inutiles de traitements inefficaces.

6.4.3.2 Modélisation de la réponse

Pour modéliser la réponse thérapeutique, il est nécessaire de concevoir des architectures capables de comparer efficacement les états pré- et post-traitement des organoïdes. Une stratégie naturelle repose sur l'utilisation d'architectures dites « siamoises » : il s'agit de traiter en parallèle les deux graphes représentant les états avant et après exposition au composé, en utilisant un encodeur graphique partagé (par exemple GAT ou EGNN selon les contraintes de robustesse géométrique) pour extraire les représentations latentes de chaque état. Ces représentations apprises sont ensuite comparées — soit en mesurant explicitement leur similarité, soit en calculant la différence de leurs embeddings — afin de quantifier l'effet du traitement. La prédiction finale peut alors prendre la forme d'une classification (répondeur versus non-répondeur) ou d'une régression estimant l'efficacité du traitement.

Une approche clef dans cette modélisation consiste à extraire directement, pour chaque cellule, les variations de ses caractéristiques entre l'état post- et pré-traitement, définies comme la différence entre les features correspondantes ($\Delta f_i = f_i^{\text{post}} - f_i^{\text{pré}}$). En fournissant au modèle un graphe où les attributs des nœuds décrivent les changements survenus, le GNN peut apprendre à identifier les motifs de modification signature d'une réponse efficace au traitement.

6.4.3.3 Prédiction précoce

Un enjeu essentiel réside dans la possibilité de prédire la réponse finale à partir d'images recueillies à des stades précoces, par exemple dès 24 heures après le traitement, alors même que les signes morphologiques majeurs de réponse ne sont pas encore apparents. Cela requiert d'abord de capturer des signaux subtils, tels que de légères variations d'intensité de certains marqueurs ou des altérations minimes de la morphologie cellulaire. Il est donc crucial de concevoir ou sélectionner des descripteurs (features) qui soient particulièrement sensibles à ces changements précoces, et de valider que la prédiction anticipée obtenue ainsi soit effectivement corrélée avec le devenir réel de l'organisme à plus long terme.

Sur le plan clinique, cette capacité de prédiction rapide apporterait un bénéfice considérable, en réduisant le temps d'attente des résultats de plusieurs jours à seulement 24 à 48 heures, permettant ainsi d'ajuster beaucoup plus tôt la stratégie thérapeutique pour chaque patient.

6.4.4 Vers une analyse holistique multi-échelles

6.4.4.1 Vision intégrative

L'objectif à long terme le plus ambitieux est une analyse véritablement holistique intégrant plusieurs niveaux d'organisation biologique, du moléculaire au phénotypique global, dans un cadre unifié. Cette vision multi-échelle embrasserait cinq niveaux hiérarchiques interconnectés. Au niveau moléculaire, l'expression génique mesurée par transcriptomique et les abondances protéiques quantifiées par protéomique définiraient l'état biochimique fondamental. Le niveau sub-cellulaire caractériserait l'organisation interne : organelles (mitochondries, réticulum endoplas-

mique), noyau avec sa chromatine, compartiments cytoplasmiques et membrane plasmique avec ses récepteurs. L'échelle cellulaire, actuellement au cœur de notre approche, intégrerait morphologie, position spatiale et état fonctionnel (prolifération, différenciation, apoptose, quiescence). Le niveau tissulaire capturerait l'architecture collective émergente : gradients de différenciation, zonations fonctionnelles, patterns organisationnels macroscopiques. Enfin, l'organoïde dans son ensemble serait caractérisé par son phénotype macroscopique observable et ses propriétés fonctionnelles globales (métabolisme, sécrétion, réponse à stimuli).

Un framework multi-échelles unifié représenterait ces niveaux via des graphes hiérarchiques ou hypergraphes où nœuds de différents niveaux coexistent et interagissent explicitement : une protéine influence l'état d'une cellule, qui contribue à un pattern tissulaire, qui détermine le phénotype global, dans une cascade causale complexe et bidirectionnelle.

6.4.4.2 Intégration imagerie + omiques

L'intégration des données de transcriptomique spatiale et d'imagerie ouvre des perspectives inédites pour caractériser l'organisation des organoïdes avec une résolution et une profondeur inégalées. Dans ce contexte, chaque cellule, représentée par un nœud du graphe, se voit attribuer à la fois une position tridimensionnelle issue de l'imagerie, des informations morphologiques extraites par segmentation, l'intensité de divers marqueurs d'immunofluorescence signalant l'expression protéique, ainsi qu'un profil transcriptomique couvrant de dix à plusieurs centaines de gènes. Cette richesse informationnelle permet d'associer l'état moléculaire précis de chaque cellule à son architecture locale dans l'organoïde.

Cependant, le traitement conjoint de ces modalités pose des défis importants. La nature hétérogène des features—en termes de dimensions, d'échelles de mesure et de signification biologique—rend nécessaire le développement de stratégies de normalisation et de fusion adaptées, afin de construire des représentations intégratives cohérentes permettant une exploitation optimale de l'information multi-modale.

Mais le potentiel de cette approche est considérable : en rendant possible l'analyse des liens entre structure spatiale, état cellulaire et expression génique, elle favorise la découverte de régulations spatiales, l'identification de niches spécifiques ou encore la caractérisation des interactions cellulaires au sein de microenvironnements complexes.

6.4.4.3 Causal inference

Au-delà de la simple capacité prédictive, l'ambition est de s'orienter vers une véritable inférence causale. Il ne s'agit plus seulement de prédire des états ou des variations, mais d'identifier quels types cellulaires ou quelles interactions sont réellement à l'origine d'un phénotype particulier. Par exemple, il devient possible de s'interroger sur les conséquences de l'ablation ou de la perturbation d'une cellule spécifique : aurait-elle un effet systémique ou localisé au sein de l'organoïde ? De même, dans les processus pathologiques, il est essentiel de distinguer les cellules ou mécanismes qui jouent un rôle moteur (« drivers ») de ceux qui ne sont que des conséquences (« passengers »). Pour cela, des méthodes inspirées des modèles causaux structurels, des graphes causaux ou du do-calculus adaptés aux réseaux biologiques pourraient être mobilisées pour démêler les liens effectifs sous-jacents aux observations.

6.4.5 Applications en médecine de précision

6.4.5.1 Biomarqueurs prédictifs

Notre approche ouvre la voie à l'identification de nouveaux biomarqueurs prédictifs, qu'il s'agisse de motifs spatiaux associés au pronostic, de signatures cellulaires indiquant la probabilité de réponse à une thérapie donnée, ou encore de marqueurs précoce annonçant l'émergence d'une résistance. La validation prospective de ces biomarqueurs s'appuierait idéalement sur des cohortes de patients suivis dans le temps, permettant d'évaluer leur réelle valeur prédictive en contexte clinique.

6.4.5.2 Essais virtuels

Enfin, une des perspectives les plus ambitieuses est celle des essais virtuels. Dans cette vision futuriste, il deviendrait possible de générer, pour chaque patient, un organoïde virtuel apprenant des données biologiques réelles et du profil génomique. On pourrait alors simuler *in silico* diverses stratégies thérapeutiques à l'aide de modèles prédictifs, explorer en quelques heures ou jours des centaines de combinaisons de traitements, et sélectionner la stratégie la plus prometteuse, qui ne serait finalement validée expérimentalement, sur organoïdes réels, que pour un sous-ensemble restreint de solutions. Cette approche permettrait une réduction drastique du temps et des coûts liés au criblage personnalisé, ouvrant la voie à une médecine véritablement adaptée à chaque individu.

6.5 Impact scientifique et sociétal

6.5.1 Accélération de la recherche

6.5.1.1 Passage à l'échelle

L'automatisation de l'analyse d'organoïdes permet des études à une échelle précédemment totalement inaccessible par les méthodes manuelles. Les criblages pharmacologiques peuvent désormais tester systématiquement des milliers de composés chimiques sur des centaines d'organoïdes individuels, générant plus de 10^5 mesures quantitatives en quelques jours seulement, là où l'analyse manuelle en aurait nécessité des années. Les études génétiques fonctionnelles par CRISPR screens appliquées à des organoïdes, perturbant systématiquement chaque gène du génome et mesurant les conséquences phénotypiques, deviennent pratiquement réalisables. Les bio-banques d'organoïdes, collectant et caractérisant des milliers d'échantillons de patients avec phénotypage quantitatif exhaustif, créent des ressources de recherche sans précédent pour la médecine de précision.

Collectivement, ce passage à l'échelle massif accélère la découverte scientifique — qu'il s'agisse d'identification de nouveaux médicaments en drug discovery ou d'élucidation de mécanismes biologiques fondamentaux — d'un facteur estimé entre 10 et 100 fois par rapport aux approches traditionnelles à bas débit.

6.5.1.2 Reproductibilité et standardisation

Les outils d'analyse automatisée apportent des améliorations fondamentales sur trois dimensions critiques de la rigueur scientifique. La reproductibilité bénéficie directement de l'élimination de la subjectivité humaine : là où deux observateurs experts pouvaient diverger substantiellement

dans leurs évaluations qualitatives d'un même organoïde, l'algorithme produit des mesures identiques à chaque exécution, réduisant drastiquement la variabilité inter-observateur qui mine la crédibilité de nombreuses études biologiques. La standardisation des protocoles d'analyse devient enfin réalisable : alors que les méthodes manuelles diffèrent subtilement entre laboratoires selon les pratiques et expertises locales, un outil logiciel partagé applique exactement les mêmes critères et mesures partout dans le monde, créant un langage quantitatif commun. La comparabilité directe des résultats entre études multi-sites en découle naturellement, permettant des méta-analyses rigoureuses et des validations indépendantes robustes.

Ces améliorations, souvent sous-estimées, sont absolument cruciales pour permettre la traduction clinique effective de la recherche sur organoïdes : les autorités réglementaires et les cliniciens exigent légitimement des standards de reproductibilité et de standardisation impossibles à atteindre avec des méthodes purement manuelles.

6.5.1.3 Démocratisation

La mise à disposition d'outils open-source gratuits, documentés et accessibles démocratise l'accès à la technologie sophistiquée d'analyse d'organoïdes. Les laboratoires académiques avec ressources computationnelles limitées, ne pouvant s'offrir ni licences de logiciels propriétaires coûteuses ni personnel dédié pour développer des outils internes, bénéficient d'un accès égal aux méthodes de pointe. Les institutions de recherche dans les pays en développement, souvent exclues des avancées technologiques par des barrières économiques, peuvent participer pleinement à cette révolution scientifique. Les petites structures innovantes telles que startups biotechnologiques ou spin-offs académiques, opérant avec des budgets serrés en phase de démarrage, peuvent exploiter immédiatement ces capacités d'analyse sans investissements initiaux prohibitifs.

Cette démocratisation réduit substantiellement les barrières à l'entrée pour l'utilisation de la technologie organoïde, élargissant le bassin de chercheurs contributeurs et accélérant d'autant l'innovation globale dans le domaine.

6.5.2 Applications en médecine personnalisée

6.5.2.1 Tests ex vivo pour guidage thérapeutique

Le workflow clinique envisagé pour l'application en médecine personnalisée s'intégrerait naturellement dans le parcours de soin actuel. Une biopsie obtenue lors du diagnostic initial, procédure déjà standard pour la plupart des cancers, fournirait le matériel biologique nécessaire. Les organoïdes tumoraux personnalisés seraient générés ex vivo en 7 à 14 jours dans des conditions de culture optimisées. Ces organoïdes seraient ensuite exposés à un panel de thérapies candidates pendant 2 à 3 jours, durée suffisante pour induire des réponses détectables. L'imagerie 3D et l'analyse automatisée par notre pipeline ne nécessiteraient qu'une journée de traitement computationnel. Un rapport de sensibilités prédictives pour chaque option thérapeutique serait délivré au clinicien entre 10 et 20 jours après la biopsie initiale, bien avant le début du traitement systémique. Cette information guiderait une décision thérapeutique véritablement informée, personnalisée aux caractéristiques biologiques spécifiques de la tumeur du patient.

Les contextes cliniques bénéficiant le plus immédiatement de cette approche incluent les cancers pour lesquels existent de multiples options thérapeutiques avec efficacités variables et imprévisibles, nécessitant un guidage pour sélectionner la chimiothérapie optimale. Les maladies rares ou orphelines, pour lesquelles aucune évidence clinique préalable n'existe concernant l'efficacité

de composés potentiellement pertinents, pourraient être explorées rationnellement. L’identification précoce de résistances préexistantes à certains traitements, avant leur administration inutile, éviterait toxicités et pertes de temps précieux pour des patients à pronostic limité.

6.5.2.2 Prédiction de toxicité personnalisée

Organoïdes hépatiques/rénaux de patient pour prédire toxicité idiosyncrasique de drogues, évitant effets secondaires sévères.

6.5.3 Réduction de l’expérimentation animale

6.5.3.1 Principe des 3R

Notre approche s’inscrit pleinement dans le cadre du principe des 3R, formulé par Russell et Burch en 1959, qui guide l’expérimentation animale vers des pratiques plus éthiques et responsables. Premièrement, elle permet de **remplacer** les modèles animaux par des organoïdes humains lorsque cela est pertinent, ouvrant la voie à l’étude de nombreuses questions biologiques et pharmacologiques sur des systèmes *in vitro* plus proches de la physiologie humaine. Deuxièmement, en instaurant des stratégies de présélection et de criblage *in vitro*, il devient possible de **réduire** sensiblement le nombre d’animaux nécessaires aux étapes ultérieures du développement thérapeutique, n’employant l’expérimentation animale que pour valider les candidats les plus prometteurs. Enfin, l’utilisation de modèles humains permet de **raffiner** les protocoles expérimentaux : les tests gagnent en pertinence et en capacité prédictive, limitant ainsi les échecs translationnels lors du passage de l’animal à l’humain.

6.5.3.2 Impact éthique et réglementaire

Au-delà des apports scientifiques et techniques, l’intégration des organoïdes dans les workflows de recherche et développement bénéficie d’une acceptation éthique et réglementaire croissante. La réglementation européenne, à travers des textes tels que REACH ou la directive sur les cosmétiques, encourage le développement et l’adoption d’alternatives à l’expérimentation animale. Cette évolution est amplifiée par une pression sociétale de plus en plus forte, qui demande une réduction substantielle du recours aux animaux dans la recherche biomédicale. D’un point de vue scientifique, les organoïdes humains s’imposent progressivement comme des modèles plus pertinents et prédictifs que les systèmes murins pour évaluer les réponses humaines aux nouvelles thérapies.

Par ailleurs, le recours aux organoïdes se justifie également par ses avantages économiques et pratiques : leur mise en œuvre est beaucoup moins coûteuse (de l’ordre de 10 à 50€ par organoïde, contre 500 à 2000€ pour une souris), les cycles expérimentaux sont plus rapides (quelques semaines contre plusieurs mois pour les modèles animaux), et il devient possible de travailler à bien plus grande échelle (des milliers d’organoïdes analysables simultanément, là où les études animales restent limitées à quelques centaines de spécimens au maximum).

6.5.4 Économie de la santé

6.5.4.1 Réduction des coûts du développement de médicaments

Le processus actuel de développement d'un nouveau médicament représente un investissement colossal, avec des coûts évalués entre un et deux milliards d'euros et des durées allant de 10 à 15 ans, pour des taux d'échec dépassant 90%. L'introduction conjointe des organoïdes et de l'intelligence artificielle promet de transformer radicalement cette équation économique. D'abord, la détection précoce de toxicités potentielles lors des phases initiales du développement, grâce à des modèles humains pertinents, permet d'éviter des investissements massifs dans des molécules vouées à l'échec, générant ainsi des économies de plusieurs centaines de millions d'euros. Ensuite, la capacité à prédire l'efficacité de candidats thérapeutiques avant même le lancement des essais cliniques humains permet de concentrer les efforts sur les molécules les plus prometteuses, limitant le gaspillage de ressources et de temps. Enfin, la stratification fine des patients, permise par l'analyse organoïde/IA, facilite la conduite d'essais cliniques sur des populations enrichies en répondeurs potentiels, ce qui accroît le taux de succès global des essais. Ces avancées combinées pourraient conduire à une réduction de 20 à 30% des coûts et des délais associés au développement de nouveaux traitements.

6.5.4.2 Optimisation des traitements

Dans le contexte des cancers, les bénéfices économiques des approches fondées sur les organoïdes et l'intelligence artificielle sont également majeurs. Elles permettent d'éviter l'administration de traitements inefficaces, limitant ainsi le recours à des thérapies onéreuses tout en préservant les patients des effets secondaires inutiles. Par ailleurs, l'identification plus rapide de la stratégie thérapeutique optimale se traduit directement par une amélioration de la survie et de la qualité de vie des patients. L'ensemble de ces gains se traduit par une valeur économique importante, estimée à plusieurs milliers d'euros par patient, à travers les économies générées et les années de vie de qualité (QALYs) gagnées.

6.6 Conclusion finale

6.6.1 Bilan scientifique

Cette thèse a démontré que les Graph Neural Networks géométriques équivariants constituent une approche puissante, efficace et prometteuse pour l'analyse automatisée d'organoides 3D, répondant aux quatre défis scientifiques majeurs identifiés en introduction.

Les contributions principales s'articulent autour de cinq axes fondamentaux. La représentation innovante par graphes géométriques capture explicitement la structure relationnelle cellulaire tridimensionnelle, préservant l'information biologique essentielle tout en comprimant drastiquement les données. La comparaison systématique d'architectures GNN (GAT, DeepSets, EGNN, GCN) révèle que GAT obtient les meilleures performances brutes tandis qu'EGNN offre un trade-off avantageux avec garantie d'équivariance $E(3)$ pour la robustesse géométrique. La génération synthétique contrôlée par processus ponctuels spatiaux pallie efficacement la rareté des annotations expertes. La stratégie de transfer learning, articulant pré-entraînement sur synthétiques et fine-tuning sur réels, réduit de 75% le besoin en annotations coûteuses. Enfin, le pipeline complet

et modulaire, de l'image brute à la prédiction, offre une solution end-to-end directement utilisable par les biologistes.

Les résultats expérimentaux valident empiriquement ces choix architecturaux. Sur la tâche contrôlée de régression du coefficient de clustering sur synthétiques, GAT atteint un R^2 de 0.928, suivi de DeepSets (0.908) et EGNN (0.915). Sur les phénotypes biologiques réels d'organoïdes de prostate (500 organoïdes bien différenciés sélectionnés), la performance de 89.3% surpassé substantiellement l'approche baseline avec descripteurs manuels et Random Forest (72.4%), tout en offrant une automatisation complète, une reproductibilité parfaite et un throughput élevé (200+ organoïdes/min) permettant le criblage à haut débit.

6.6.2 Portée et transférabilité

Les principes méthodologiques développés dans cette thèse dépassent largement le cadre strict des organoïdes de prostate, offrant un cadre conceptuel et technique applicable à une famille étendue de problèmes biologiques structurellement similaires.

L'applicabilité immédiate s'étend aux sphéroïdes tumoraux multicellulaires (MCTS) utilisés massivement en criblage pharmacologique oncologique, aux embryons précoce aux stades morula ou blastocyste dont l'analyse automatisée améliorerait les protocoles de fécondation in vitro, aux agrégats bactériens formant des biofilms dont la compréhension structurelle informerait les stratégies antimicrobiennes, aux amas cellulaires auto-organisés étudiés en biologie du développement, et même aux données histopathologiques tridimensionnelles obtenues par imagerie de biopsies épaisses où la structure spatiale des cellules tumorales porte une valeur diagnostique et pronostique.

La transférabilité méthodologique repose sur quatre piliers fondamentaux applicables bien au-delà des organoïdes. La représentation par graphes géométriques convient à toute donnée où les entités individuelles et leurs relations spatiales structurent les propriétés collectives. La génération synthétique contrôlée via modèles statistiques (processus ponctuels ou alternatives) offre une solution générale au problème ubiquitaire de la rareté des annotations expertes. La stratégie de transfer learning depuis domaine source synthétique vers cible réel constitue un paradigme réutilisable chaque fois que la modélisation explicite est plus accessible que la collecte de données. L'exploitation de l'équivariance géométrique garantit robustesse sans augmentation de données dans tout contexte où les transformations géométriques ne doivent pas affecter la prédiction. Ces contributions méthodologiques possèdent ainsi une portée générale transcendant l'application spécifique démontrée.

6.6.3 Vision future

À mesure que les technologies biologiques et computationnelles progressent en parallèle, la synergie entre biologie expérimentale et intelligence artificielle s'intensifiera, créant un cercle vertueux d'amélioration mutuelle.

Ce cercle vertueux organoïdes-IA s'auto-alimente : de meilleurs organoïdes, produits par des protocoles de culture optimisés, génèrent des données de plus haute qualité et plus informatives ; ces meilleures données, plus abondantes et mieux annotées, permettent d'entraîner des modèles d'IA plus performants et généralisables ; ces meilleurs modèles, capturant plus fidèlement les principes biologiques sous-jacents, produisent une compréhension biologique plus profonde et plus

mécanistique ; cette meilleure compréhension informe à son tour le design de protocoles de culture améliorés, bouclant le cycle et propulsant l'ensemble vers des niveaux de sophistication croissants.

Cette dynamique vertueuse sera amplifiée par la convergence de plusieurs révolutions technologiques en cours. L'imagerie ultra-rapide et haute résolution permettra de capturer la dynamique cellulaire à des échelles temporelles et spatiales sans précédent. Les approches multi-omiques spatiales, intégrant génomique, transcriptomique, protéomique et métabolomique avec résolution cellulaire voire subcellulaire, offriront une vision holistique des états biologiques. Les perturbations génétiques multiplexées via CRISPR pooled screens permettront d'interroger systématiquement des milliers de gènes simultanément. Les avancées en apprentissage automatique, notamment les foundation models pré-entraînés sur vastes corpus biologiques et les approches de causal learning inferrant mécanismes plutôt que corrélations, révolutionneront l'extraction de connaissances depuis les données.

La combinaison synergique de ces technologies pourrait transformer fondamentalement trois piliers de la biomédecine. La compréhension des mécanismes biologiques progressera de la simple phénoménologie descriptive vers l'élucidation mécanistique quantitative des processus cellulaires et développementaux. Le développement de médicaments évoluera de la sérendipité empirique vers le design rationnel guidé par modèles prédictifs. La médecine clinique transitera du paradigme "one-size-fits-all" vers une véritable médecine de précision personnalisée, où traitements sont optimisés individuellement sur la base de modèles patients-spécifiques.

6.6.4 Message final

Les organoïdes représentent un des développements les plus excitants de la biologie moderne. Leur analyse requiert des outils à la hauteur de leur complexité. Cette thèse a proposé que les Graph Neural Networks géométriques, en capturant explicitement la structure relationnelle tridimensionnelle, constituent ces outils.

Les défis relevés—représentation adaptée, apprentissage avec données limitées, robustesse géométrique—ne sont pas propres aux organoïdes mais représentent des problèmes fondamentaux en machine learning pour applications biomédicales. Les solutions proposées ont donc une portée qui dépasse largement le contexte initial.

À mesure que les organoïdes passent du laboratoire de recherche à la clinique, que les volumes de données explosent, et que les questions biologiques se complexifient, les méthodes d'analyse automatisée intelligentes ne seront plus optionnelles mais essentielles. Cette thèse a posé des jalons vers cet avenir, où biologie et intelligence artificielle collaborent pour déchiffrer la complexité du vivant et améliorer la santé humaine.

Le code, les outils, et les connaissances générés sont offerts à la communauté scientifique avec l'espoir qu'ils seront utilisés, améliorés, et étendus par d'autres, contribuant collectivement à l'avancement de ce domaine passionnant à l'intersection de la biologie, de l'informatique, et de la médecine.

Notations

Graphes

$G = (V, E)$	Graphe avec ensemble de nœuds V et arêtes E
N	Nombre de nœuds dans le graphe
v_i	Nœud i du graphe
$\mathcal{N}(i)$	Voisinage du nœud i
\mathbf{A}	Matrice d'adjacence
$\tilde{\mathbf{A}}$	Matrice d'adjacence avec self-loops ($\tilde{\mathbf{A}} = \mathbf{A} + \mathbf{I}$)
\mathbf{D}	Matrice de degré
$\tilde{\mathbf{D}}$	Matrice de degré de $\tilde{\mathbf{A}}$
\mathbf{L}	Matrice Laplacienne
d_i	Degré du nœud i
k	Nombre de plus proches voisins (K-NN)

Features et représentations

\mathbf{x}_i	Coordonnées 3D du nœud i , $\mathbf{x}_i \in \mathbb{R}^3$
\mathbf{f}_i	Vecteur de features du nœud i
$\mathbf{h}_i^{(k)}$	Représentation latente du nœud i à la couche k
\mathbf{H}	Matrice de features de tous les nœuds
\mathbf{e}_{ij}	Features de l'arête entre nœuds i et j
\mathbf{m}_{ij}	Message du nœud j vers le nœud i
d	Dimension de l'espace (typiquement $d = 3$)
D_h	Dimension de l'espace latent
D_f	Dimension du vecteur de features

GNN et apprentissage

ϕ_e	Fonction de message (edge function)
ϕ_h	Fonction de mise à jour des features (node update)
ϕ_x	Fonction de mise à jour des coordonnées (EGNN)
ρ	Fonction de décodage (readout)
AGG	Fonction d'agrégation (sum, mean, max)
$\sigma(\cdot)$	Fonction d'activation non-linéaire (ReLU, ELU, etc.)
\mathbf{W}	Matrice de poids à apprendre
α_{ij}	Coefficient d'attention entre nœuds i et j
\mathcal{L}	Fonction de perte
η	Taux d'apprentissage (learning rate)

Organoïdes et cellules

\mathcal{O}	Ensemble des organoïdes
O_i	Organoïde i
C	Nombre de cellules dans un organoïde
c_i	Cellule i
V_i	Volume de la cellule i
Ψ_i	Sphéricité de la cellule i ($\Psi_i \in [0, 1]$)
S_i	Surface de la cellule i
A_i	Aire de la cellule de Voronoï i (données synthétiques)
I_i^k	Intensité du canal fluorescent k pour la cellule i

Processus ponctuels

λ	Intensité d'un processus de Poisson
$\lambda(\mathbf{x})$	Fonction d'intensité (cas inhomogène)
$K(r)$	Fonction K de Ripley au rayon r
$F(r)$	Fonction F (distance plus proche voisin)
$G(r)$	Fonction G (distance entre points)
r	Rayon ou distance euclidienne
\mathbb{S}^2	Sphère unitaire en dimension 3
R	Rayon de la sphère

Statistiques et évaluation

y	Label vrai (ground truth)
\hat{y}	Label prédit
C	Nombre de classes
Acc	Accuracy (taux de bonnes classifications)
Prec	Précision
Rec	Rappel (recall, sensibilité)
F_1	F1-score (moyenne harmonique précision/rappel)
AUC	Area Under Curve (aire sous la courbe ROC)
ECE	Expected Calibration Error (erreur de calibration)
μ	Moyenne statistique
σ	Écart-type

Transformations géométriques

T	Transformation géométrique
$E(3)$	Groupe euclidien (translations, rotations, réflexions)
$E(n)$	Groupe euclidien en dimension n
$SO(3)$	Groupe des rotations 3D
$O(3)$	Groupe orthogonal 3D (rotations et réflexions)
\mathbf{R}	Matrice de rotation
\mathbf{t}	Vecteur de translation

Ensembles et espaces

\mathbb{R}	Ensemble des nombres réels
\mathbb{R}^n	Espace euclidien de dimension n
\mathbb{N}	Ensemble des entiers naturels
$\mathcal{P}(\mathcal{X})$	Ensemble des parties de \mathcal{X} (permutation-invariant sets)
$ \cdot $	Cardinalité d'un ensemble ou norme d'un vecteur
$\ \cdot\ $	Norme euclidienne (distance L2)

Références

- Anderson, B., Hy, T. S., & Kondor, R. (2019). Cormorant : Covariant molecular neural networks. In *Advances in neural information processing systems (neurips)* (Vol. 32).
- Baddeley, A., Rubak, E., & Turner, R. (2015). *Spatial point patterns : Methodology and applications with r*. CRC Press.
- Bai, L., Wu, Y., Li, G., Zhang, W., Zhang, H., & Su, J. (2023, September). Ai-enabled organoids : Construction, analysis, and application. *Bioactive Materials*, 31, 525–548. doi: 10.1016/j.bioactmat.2023.09.005
- Barabási, A.-L., & Albert, R. (1999). Emergence of scaling in random networks. *Science*, 286(5439), 509–512. doi: 10.1126/science.286.5439.509
- Bartfeld, S., Bayram, T., van de Wetering, M., Huch, M., Begthel, H., Kujala, P., ... Clevers, H. (2015). In vitro expansion of human gastric epithelial stem cells and their responses to bacterial infection. *Gastroenterology*, 148(1), 126–136.e6. doi: 10.1053/j.gastro.2014.09.042
- Battaglia, P. W., Hamrick, J. B., Bapst, V., Sanchez-Gonzalez, A., Zambaldi, V., Malinowski, M., ... others (2018). Relational inductive biases, deep learning, and graph networks. *arXiv preprint arXiv :1806.01261*.
- Batzner, S., Musaelian, A., Sun, L., Geiger, M., Mailoa, J. P., Kornbluth, M., ... Kozinsky, B. (2022). E(3)-equivariant graph neural networks for data-efficient and accurate interatomic potentials. In *Nature communications* (Vol. 13, p. 2453). (NequIP)
- Bessadok, A., Mahjoub, M. A., & Rekik, I. (2022). Graph neural networks in network neuroscience. *arXiv preprint arXiv :2106.03535*.
- Boj, S. F., Hwang, C.-I., Baker, L. A., Chio, I. I. C., Engle, D. D., Corbo, V., ... Tuveson, D. A. (2015). Organoid models of human and mouse ductal pancreatic cancer. *Cell*, 160(1-2), 324–338. doi: 10.1016/j.cell.2014.12.021
- Brussee, S., Buzzanca, G., Schrader, A. M. R., & Kers, J. (2024). Graph neural networks in histopathology : Emerging trends and future directions. *arXiv preprint arXiv :2406.12808*.
- Cai, C., Hy, T. S., Yu, R., & Wang, Y. (2023). On the connection between mpnn and graph transformer. *arXiv preprint arXiv :2301.11956*.
- Caicedo, J. C., Goodman, A., Karhohs, K. W., Cimini, B. A., Ackerman, J., Haghghi, M., ... others (2019). Nucleus segmentation across imaging experiments : the 2018 data science bowl. In (Vol. 16, pp. 1247–1253).
- Chen, D., O’Bray, L., & Borgwardt, K. (2022). Structure-aware transformer for graph representation learning. *arXiv preprint arXiv :2202.03036*.
- Clevers, H. (2016). Modeling development and disease with organoids. *Cell*, 165(7), 1586–1597.
- Corso, G., Cavalleri, L., Beaini, D., Liò, P., & Veličković, P. (2020). Principal neighbourhood aggregation for graph nets. In *Advances in neural information processing systems* (Vol. 33, pp. 13260–13271).

- Defferrard, M., Bresson, X., & Vandergheynst, P. (2016). Convolutional neural networks on graphs with fast localized spectral filtering. In *Advances in neural information processing systems (neurips)* (pp. 3844–3852).
- Dekkers, J. F., Wiegerinck, C. L., de Jonge, H. R., Bronsveld, I., Janssens, H. M., de Winter-de Groot, K. M., ... Beekman, J. M. (2013). A functional cftr assay using primary cystic fibrosis intestinal organoids. *Nature Medicine*, 19(7), 939–945. doi: 10.1038/nm.3201
- Diggle, P. J. (2013). *Statistical analysis of spatial and spatio-temporal point patterns* (3rd éd.). CRC Press.
- Drost, J., & Clevers, H. (2018). Organoids in cancer research. *Nature Reviews Cancer*, 18, 407–418.
- Du, X., et al. (2023, May). Organoids revealed : morphological analysis of the profound next generation in-vitro model with artificial intelligence. *Bio-Design and Manufacturing*, 6(3), 319–339. doi: 10.1007/s42242-022-00226-y
- Duval, A., et al. (2024). A hitchhiker's guide to geometric gnns for 3d atomic systems. *arXiv preprint arXiv:2312.07511*.
- Dwivedi, V. P., & Bresson, X. (2021). A generalization of transformer networks to graphs. *arXiv preprint arXiv:2012.09699*.
- Erdős, P., & Rényi, A. (1959). On random graphs i. *Publicationes Mathematicae Debrecen*, 6, 290–297.
- Fey, M., & Lenssen, J. E. (2019). Fast graph representation learning with pytorch geometric. *arXiv preprint arXiv:1903.02428*.
- Fogel, I., & Sagi, D. (1989). Gabor filters as texture discriminator. *Biological Cybernetics*, 61(2), 103–113. doi: 10.1007/BF00204594
- Fuchs, F., Worrall, D., Fischer, V., & Welling, M. (2020). Se(3)-transformers : 3d roto-translation equivariant attention networks. In *Advances in neural information processing systems (neurips)* (Vol. 33, pp. 1970–1981).
- Gasteiger, J., Groß, J., & Günnemann, S. (2020). Directional message passing for molecular graphs. In *International conference on learning representations (iclr)*.
- Gilmer, J., Schoenholz, S. S., Riley, P. F., Vinyals, O., & Dahl, G. E. (2017). Neural message passing for quantum chemistry. In *International conference on machine learning (icml)* (pp. 1263–1272).
- Haja, A., Horcas-Nieto, J. M., Bakker, B. M., & Schomaker, L. (2023). Towards automatization of organoid analysis : A deep learning approach to localize and quantify organoid images. *Computer Methods and Programs in Biomedicine Update*, 3, 100101. doi: 10.1016/j.cmpbup.2023.100101
- Hamilton, W. L., Ying, R., & Leskovec, J. (2017). Inductive representation learning on large graphs. In *Advances in neural information processing systems* (pp. 1024–1034).
- Han, J., et al. (2024). A survey of geometric graph neural networks : Data structures, models and applications. *arXiv preprint arXiv:2403.00485*.
- Haralick, R. M., Shanmugam, K., & Dinstein, I. (1973). Textural features for image classification. *IEEE Transactions on Systems, Man, and Cybernetics, SMC-3*(6), 610–621. doi: 10.1109/TSMC.1973.4309314

- Huch, M., Gehart, H., van Boxtel, R., Hamer, K., Blokzijl, F., Verstegen, M. M. A., ... Clevers, H. (2015). Long-term culture of genome-stable bipotent stem cells from adult human liver. *Cell*, *160*(1-2), 299–312. doi: 10.1016/j.cell.2014.11.050
- Huisken, J., Swoger, J., Del Bene, F., Wittbrodt, J., & Stelzer, E. H. (2004). Optical sectioning deep inside live embryos by selective plane illumination microscopy. *Science*, *305*(5686), 1007–1009.
- Illian, J., Penttinen, A., Stoyan, H., & Stoyan, D. (2008). *Statistical analysis and modelling of spatial point patterns*. John Wiley & Sons.
- Jaume, G., Pati, P., Anklin, V., Foncubierta, A., & Gabrani, M. (2021). Histocartography : A toolkit for graph analytics in digital pathology. In *Miccai workshop on computational pathology* (pp. 117–128).
- Kipf, T. N., & Welling, M. (2017). Semi-supervised classification with graph convolutional networks. In *International conference on learning representations (iclr)*.
- Kirsten, L. N., & Jung, C. R. (2023). Cell tracking-by-detection using elliptical bounding boxes. *arXiv preprint arXiv* :2310.04895.
- Kleinberg, G., Wang, S., Comellas, E., Monaghan, J. R., & Shefelbine, S. J. (2022). Usability of deep learning pipelines for 3d nuclei identification with stardist and cellpose. *Cells & Development*, *172*, 203806. doi: 10.1016/j.cdev.2022.203806
- Kreuzer, D., Beaini, D., Hamilton, W. L., Létourneau, V., & Tossou, P. (2021). Rethinking graph transformers with spectral attention. *arXiv preprint arXiv* :2106.03893.
- Krizhevsky, A., Sutskever, I., & Hinton, G. E. (2012). Imagenet classification with deep convolutional neural networks. In *Advances in neural information processing systems* (pp. 1097–1105).
- Lancaster, M. A., & Knoblich, J. A. (2014). Organogenesis in a dish : modeling development and disease using organoid technologies. *Science*, *345*(6194), 1247125.
- Lancaster, M. A., Renner, M., Martin, C.-A., Wenzel, D., Bicknell, L. S., Hurles, M. E., ... Knoblich, J. A. (2013). Cerebral organoids model human brain development and microcephaly. *Nature*, *501*(7467), 373–379.
- Laussu, J., et al. (2024). Cell centred finite element model for intestinal organoids shape analysis : From tissue architecture to mechanics. *In preparation*.
- Lecca, P., & Lecca, M. (2023). Graph embedding and geometric deep learning relevance to network biology and structural chemistry. *Frontiers in Artificial Intelligence*, *6*, 1256352. doi: 10.3389/frai.2023.1256352
- LeCun, Y., Bengio, Y., & Hinton, G. (2015). Deep learning. *Nature*, *521*(7553), 436–444.
- Lin, B., McLelland, B. T., Aramant, R. B., Thomas, B. B., Nistor, G., Keirstead, H. S., & Seiler, M. J. (2020). Retina organoid transplants develop photoreceptors and improve visual function in rcs rats with rpe dysfunction. *Investigative Ophthalmology & Visual Science*, *61*(11), 34. doi: 10.1167/iovs.61.11.34
- Litjens, G., Kooi, T., Bejnordi, B. E., Setio, A. A. A., Ciompi, F., Ghafoorian, M., ... Sánchez, C. I. (2017). A survey on deep learning in medical image analysis. *Medical Image Analysis*, *42*, 60–88.
- Luo, X., et al. (2024). Graph neural networks for brain graph learning : A survey. *arXiv preprint arXiv* :2406.02594.

- Martin, A., Ait Mouffok, A., Fytilli, E., Imler, J., Tête, A., Bortoli, S., ... Descombes, X. (2025). Classification de processus de points sphériques : comparaison entre statistiques spatiales et graph neural networks. In *Gretsi 2025 - xxxème colloque francophone de traitement du signal et des images*. Strasbourg, France. (ANR Morpheus (263702))
- Nunes, J. D., Montezuma, D., Oliveira, D., Pereira, T., & Cardoso, J. S. (2024). A survey on cell nuclei instance segmentation and classification : Leveraging context and attention. *arXiv preprint arXiv:2407.18673*.
- Ojala, T., Pietikäinen, M., & Mäenpää, T. (2002). Multiresolution gray-scale and rotation invariant texture classification with local binary patterns. *IEEE Transactions on Pattern Analysis and Machine Intelligence*, 24(7), 971–987. doi: 10.1109/TPAMI.2002.1017623
- Pan, S. J., & Yang, Q. (2010). A survey on transfer learning. *IEEE Transactions on Knowledge and Data Engineering*, 22(10), 1345–1359.
- Park, T., Kim, T. K., Han, Y. D., Kim, K.-A., Kim, H., & Kim, H. S. (2023, November). Development of a deep learning based image processing tool for enhanced organoid analysis. *Scientific Reports*, 13(1), 19841. doi: 10.1038/s41598-023-46485-2
- Paszke, A., Gross, S., Massa, F., et al. (2019). Pytorch : An imperative style, high-performance deep learning library. In *Advances in neural information processing systems* (pp. 8024–8035).
- Pati, P., Jaume, G., Foncubierta, A., Feroce, F., Anniciello, A. M., Scognamiglio, G., ... others (2022). Hierarchical graph representations in digital pathology. *Medical Image Analysis*, 75, 102264.
- Qi, C. R., Su, H., Mo, K., & Guibas, L. J. (2017). Pointnet : Deep learning on point sets for 3d classification and segmentation. In *Ieee conference on computer vision and pattern recognition (cvpr)* (pp. 652–660).
- Qi, C. R., Yi, L., Su, H., & Guibas, L. J. (2017). Pointnet++ : Deep hierarchical feature learning on point sets in a metric space. In *Advances in neural information processing systems* (pp. 5099–5108).
- Rampášek, L., Galkin, M., Dwivedi, V. P., Luu, A. T., Wolf, G., & Beaini, D. (2023). Recipe for a general, powerful, scalable graph transformer. *arXiv preprint arXiv:2205.12454*.
- Rayed, M. E., Islam, S. M. S., Niha, S. I., Jim, J. R., Kabir, M. M., & Mridha, M. F. (2024). Deep learning for medical image segmentation : State-of-the-art advancements and challenges. *Informatics in Medicine Unlocked*, 47, 101504. doi: 10.1016/j.imu.2024.101504
- Ronneberger, O., Fischer, P., & Brox, T. (2015). U-net : Convolutional networks for biomedical image segmentation. In *Medical image computing and computer assisted intervention (miccai)* (pp. 234–241).
- Sachs, N., de Ligt, J., Kopper, O., Gogola, E., Bounova, G., Weeber, F., ... Clevers, H. (2018). A living biobank of breast cancer organoids captures disease heterogeneity. *Cell*, 172(1-2), 373–386.e10. doi: 10.1016/j.cell.2017.11.010
- Sachs, N., Papaspypopoulos, A., Zomer-van Ommen, D. D., Heo, I., Böttinger, L., Klay, D., ... Clevers, H. (2019). Long-term expanding human airway organoids for disease modeling. *EMBO Journal*, 38(4), e100300. doi: 10.15252/embj.2018100300
- Sato, T., Vries, R. G., Snippert, H. J., van de Wetering, M., Barker, N., Stange, D. E., ... Clevers, H. (2009). Single lgr5 stem cells build crypt-villus structures in vitro without a mesenchymal niche. *Nature*, 459(7244), 262–265.

- Satorras, V. G., Hoogeboom, E., & Welling, M. (2021). E(n) equivariant graph neural networks. In *International conference on machine learning (icml)* (pp. 9323–9332).
- Schmidt, U., Weigert, M., Broaddus, C., & Myers, G. (2018). Cell detection with star-convex polygons. In *Medical image computing and computer assisted intervention (miccai)* (pp. 265–273).
- Schütt, K. T., Kindermans, P.-J., Sauceda, H. E., Chmiela, S., Tkatchenko, A., & Müller, K.-R. (2017). Schnet : A continuous-filter convolutional neural network for modeling quantum interactions. In *Advances in neural information processing systems* (pp. 991–1001).
- Schütt, K. T., Sauceda, H. E., Kindermans, P.-J., Tkatchenko, A., & Müller, K.-R. (2018). Schnet—a deep learning architecture for molecules and materials. *The Journal of Chemical Physics*, 148, 241722.
- Schütt, K. T., Unke, O. T., & Gastegger, M. (2021). Equivariant message passing for the prediction of tensorial properties and molecular spectra. In *International conference on machine learning (icml)* (pp. 9377–9388).
- Shahir, J. A., Stanley, N., & Purvis, J. E. (2024). Cellograph : a semi-supervised approach to analyzing multi-condition single-cell rna-sequencing data using graph neural networks. *BMC Bioinformatics*, 25(1), 25. doi: 10.1186/s12859-024-05641-9
- Shorten, C., & Khoshgoftaar, T. M. (2019). A survey on image data augmentation for deep learning. *Journal of Big Data*, 6, 60.
- Stringer, C., Wang, T., Michaelos, M., & Pachitariu, M. (2021). Cellpose : a generalist algorithm for cellular segmentation. *Nature Methods*, 18, 100–106.
- Takasato, M., Er, P. X., Chiu, H. S., Maier, B., Baillie, G. J., Ferguson, C., ... Little, M. H. (2015). Kidney organoids from human ips cells contain multiple lineages and model human nephrogenesis. *Nature*, 526(7574), 564–568. doi: 10.1038/nature15695
- Takebe, T., Wells, J. M., et al. (2018). Organoid center strategies for accelerating clinical translation. *Cell Stem Cell*, 22, 806–809.
- Thomas, N., Smidt, T., Kearnes, S., Yang, L., Li, L., Kohlhoff, K., & Riley, P. (2018). Tensor field networks : Rotation- and translation-equivariant neural networks for 3d point clouds. In *arxiv preprint arxiv :1802.08219*.
- Ulman, V., Maška, M., Magnusson, K. E., et al. (2017). An objective comparison of cell-tracking algorithms. *Nature Methods*, 14, 1141–1152.
- Van der Walt, S., Schönberger, J. L., Nunez-Iglesias, J., Boulogne, F., Warner, J. D., Yager, N., ... Yu, T. (2014). scikit-image : image processing in python. *PeerJ*, 2, e453.
- Vaswani, A., Shazeer, N., Parmar, N., et al. (2017). Attention is all you need. *Advances in Neural Information Processing Systems*, 30.
- Veličković, P., Cucurull, G., Casanova, A., Romero, A., Liò, P., & Bengio, Y. (2018). Graph attention networks. In *International conference on learning representations (iclr)*.
- Virtanen, P., Gommers, R., Oliphant, T. E., Haberland, M., Reddy, T., Cournapeau, D., ... van Mulbregt, P. (2020). Scipy 1.0 : fundamental algorithms for scientific computing in python. *Nature Methods*, 17, 261–272. doi: 10.1038/s41592-019-0686-2
- Wang, A., et al. (2022). A novel deep learning-based 3d cell segmentation framework for future image-based disease detection. *Scientific Reports*, 12(1), 342. doi: 10.1038/s41598-021-04048-3

- Watts, D. J., & Strogatz, S. H. (1998). Collective dynamics of 'small-world' networks. *Nature*, 393(6684), 440–442. doi: 10.1038/30918
- Weigert, M., & Schmidt, U. (2022). Nuclei instance segmentation and classification in histopathology images with stardist. , 1–4. doi: 10.1109/ISBIC56247.2022.9854534
- Weiss, K., Khoshgoftaar, T. M., & Wang, D. (2016). A survey of transfer learning. *Journal of Big Data*, 3, 1–40.
- Wilson, S. B., et al. (2022, February). Devkidcc allows for robust classification and direct comparisons of kidney organoid datasets. *Genome Medicine*, 14(1), 19. doi: 10.1186/s13073-022-01023-z
- Wu, Z., Pan, S., Chen, F., Long, G., Zhang, C., & Yu, P. S. (2021). A comprehensive survey on graph neural networks. *IEEE Transactions on Neural Networks and Learning Systems*, 32(1), 4–24.
- Xu, K., Hu, W., Leskovec, J., & Jegelka, S. (2019). How powerful are graph neural networks ? In *International conference on learning representations (iclr)*.
- Xu, K., Li, C., Tian, Y., Sonobe, T., Kawarabayashi, K.-i., & Jegelka, S. (2018). Representation learning on graphs with jumping knowledge networks. In *International conference on machine learning (icml)* (pp. 5453–5462).
- Ying, C., Cai, T., Luo, S., Zheng, S., Ke, G., He, D., ... Liu, T.-Y. (2021). Do transformers really perform badly for graph representation ? In *Advances in neural information processing systems (neurips)* (Vol. 34, pp. 28877–28888).
- Zaheer, M., Kottur, S., Ravanbakhsh, S., Poczos, B., Salakhutdinov, R. R., & Smola, A. J. (2017). Deep sets. In *Advances in neural information processing systems* (pp. 3391–3401).
- Zhang, X.-M., Liang, L., Liu, L., & Tang, M.-J. (2021). Graph neural networks and their current applications in bioinformatics. *Frontiers in Genetics*, 12, 690049. doi: 10.3389/fgene.2021.690049
- Zhao, Z., et al. (2022). Organoids. *Nature Reviews Methods Primers*, 2(1), 94. doi: 10.1038/s43586-022-00174-y
- Zhou, J., Cui, G., Hu, S., Zhang, Z., Yang, C., Liu, Z., ... Sun, M. (2020). Graph neural networks : A review of methods and applications. *AI Open*, 1, 57–81.
- Zhou, J., Li, C., Liu, X., Chiu, M. C., Zhao, X., Wang, D., ... Yuen, K.-Y. (2020). Infection of bat and human intestinal organoids by sars-cov-2. *Nature Medicine*, 26(7), 1077–1083. doi: 10.1038/s41591-020-0912-6
- Zhou, Y., Graham, S., Alemi Koohbanani, N., Shaban, M., Heng, P.-A., & Rajpoot, N. (2019). Cgc-net : Cell graph convolutional network for grading of colorectal cancer histology images. In *Ieee international conference on computer vision workshops* (pp. 388–398).
- Çiçek, , Abdulkadir, A., Lienkamp, S. S., Brox, T., & Ronneberger, O. (2016). 3d u-net : Learning dense volumetric segmentation from sparse annotation. In *Medical image computing and computer assisted intervention (miccai)* (pp. 424–432).

