



Identification de la cyanobactérie *Microcoleus anatoxicus* par Deep Learning

Bregnard Titouan

Faculté des Sciences

Dépôt GitHub:



Application Web:



Résumé

Microcoleus anatoxicus est une cyanobactérie benthique productrice de neurotoxines. Ce travail explore sa détection rapide par microscopie optique et *apprentissage profond*. Un jeu de données d'images de cyanobactéries toxiques et non toxiques a permis de comparer plusieurs architectures pré-entraînées (ResNet18, ResNet50, EfficientNetB0, MobileNetV3, Vision Transformer) avec *fine-tuning* et validation croisée stratifiée, en mesurant exactitude, courbes *ROC/PR*, matrices de confusion et fournissant des visualisations par Grad-CAM. Le meilleur modèle (EfficientNetB0) atteint 85–90 % de précision en laboratoire mais chute à 50 % sur des images externes (USA, NZ), révélant des limites de généralisation. Ces résultats, discutés sous l'angle biologique et technique, semblent confirmer la faisabilité d'une identification semi-automatisée tout en soulignant la nécessité de données plus diversifiées et d'adaptations de domaine pour une application robuste.

Introduction

La question centrale porte sur l'identification automatique de *Microcoleus anatoxicus*, cyanobactérie benthique décrite en 2020 et productrice d'anatoxines (anatoxine-a, dihydroanatoxine-a) responsables d'intoxications animales. Cette émergence souligne la menace des tapis benthiques, autrefois sous-estimée. Le dépistage actuel, basé sur analyses chimiques ou *PCR*, est coûteux et lent, limitant le suivi en temps réel. Les avancées en *computer vision* et *Deep Learning* peuvent offrir une alternative rapide et reproductible à partir d'images microscopiques. Néanmoins, l'adaptation de modèles pré-entraînés et leur généralisation à des images issues de protocoles variés demeurent des défis clés pour une détection robuste.

Objectifs Principaux

- Constituer un jeu de données d'images de cyanobactéries benthiques annotées.
- Mettre en place un pipeline de traitement d'images adapté à la microscopie optique.
- Entraîner et comparer plusieurs modèles de classification par transfert de connaissances pour déterminer l'architecture la plus performante.
- Optimiser le meilleur modèle retenu et évaluer son interprétabilité via visualisation Grad-CAM.
- Tester la robustesse des modèles sur des données externes.
- Fournir une analyse critique des résultats.

Matériels et méthodes

Le dataset rassemble 786 images de biofilms cyanobactériens (597 Suisse, 50 USA, 139 NZ) acquises en microscopie optique (×400) et annotées « toxique » / « non toxique ». Les images ont été converties en TIFF, redimensionnées à 224×224 px, normalisées (moyennes/écarts-types ImageNet) et réparties en train (80%) et val (20%) stratifiés, avec validation croisée 5-fold et test externe.

Le pipeline (Torchvision/YAML) intègre, pour l'entraînement, recadrage aléatoire, flips, rotations, effacement aléatoire, jitter de couleur et flou gaussien, avec seed fixe pour la reproductibilité. Le déséquilibre est corrigé par sur-échantillonnage de la classe minoritaire et pondération de la perte. Cinq modèles pré-entraînés sur ImageNet (ResNet18/50, EfficientNet-B0, MobileNetV3-Small, ViT-B16) ont été comparés. L'entraînement (Adam, $1 \times 10^{-4} \rightarrow 1 \times 10^{-5}$, 30 époques, Cross-Entropy pondérée) a utilisé StratifiedGroupKFold, suivi d'un run final, calibration (Platt/isotonic), scheduler, early stopping et label smoothing. Les performances ont été mesurées en accuracy, précision, rappel, F1, AUC ROC et AP.

Résultats

Nous avons évalué quatre architectures (EfficientNet-B0, ViT-B_16, MobileNet V3 Small et ResNet-18) sur trois métriques (précision, AUC ROC et F1-score) via une validation croisée à 5 plis. En moyenne, EfficientNet-B0 obtient la meilleure performance, avec une précision de 64,9% (±3,4), une AUC ROC de 71,8% (±4,3) et un F1-score de 66,6% (±2,9). ViT-B_16 suit avec une précision de 62,5% (±4,1), une AUC ROC de 67,8% (±5,3) et un F1-score de 65,4% (±3,5). MobileNet V3 Small et ResNet-18 ont affiché des performances inférieures sur toutes les métriques (fig. 1). Ces métriques montrent la supériorité moyenne d'EfficientNet-B0, bien que plus variable que ViT-B_16.

Le modèle optimisé d'*EfficientNet-B0* affiche une précision de 78,7%, un rappel de 93,8% et un F1-score de 85,4%.

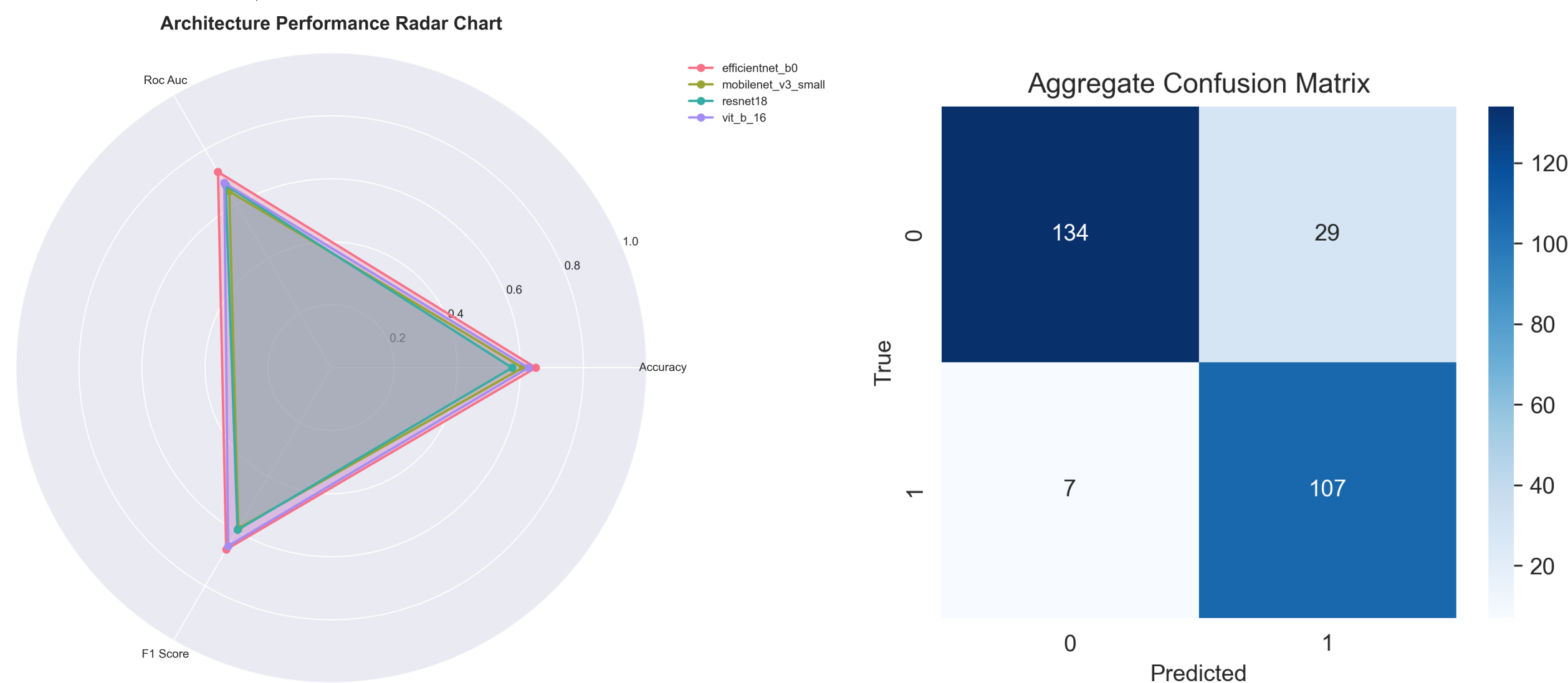


FIGURE 1 – Diagramme radar des performances moyennes. **FIGURE 2** – Matrice de confusion du modèle sélectionné. Enfin, la fig. 2 montre la matrice de confusion agrégée, soulignant un faible taux de faux négatifs (6,2%) et un taux de faux positifs maîtrisé (21,3%).

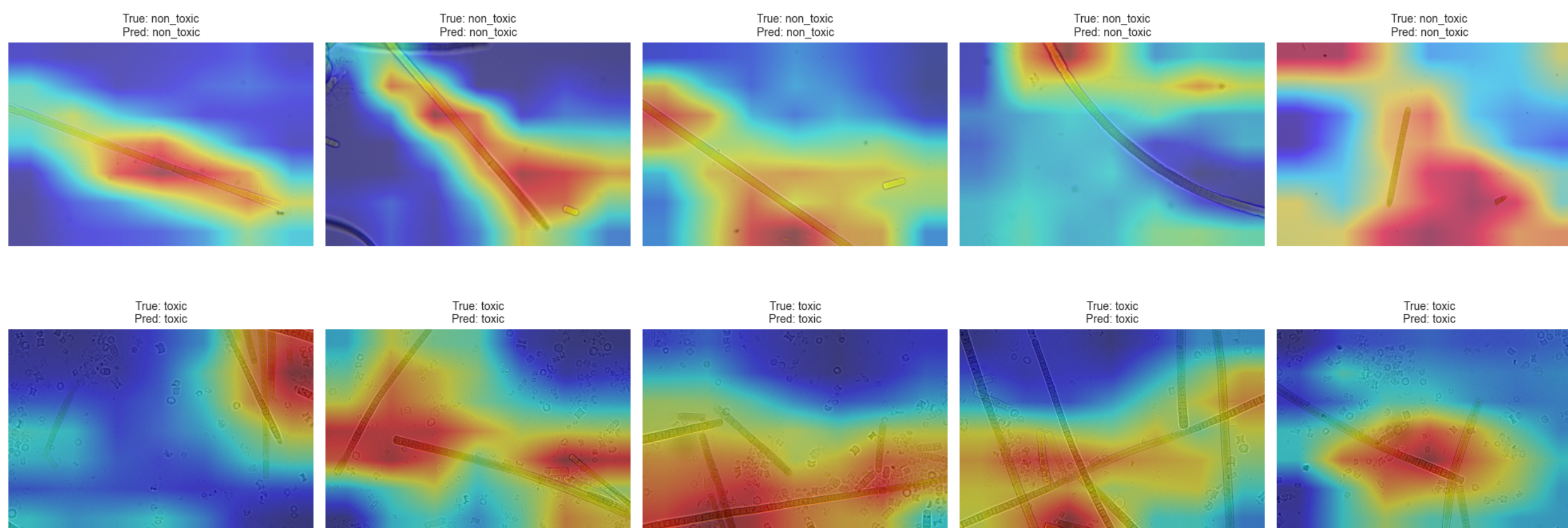


FIGURE 3 – Cartes de chaleur Grad-CAM issues du dernier bloc convolutionnel d'EfficientNet-B0.

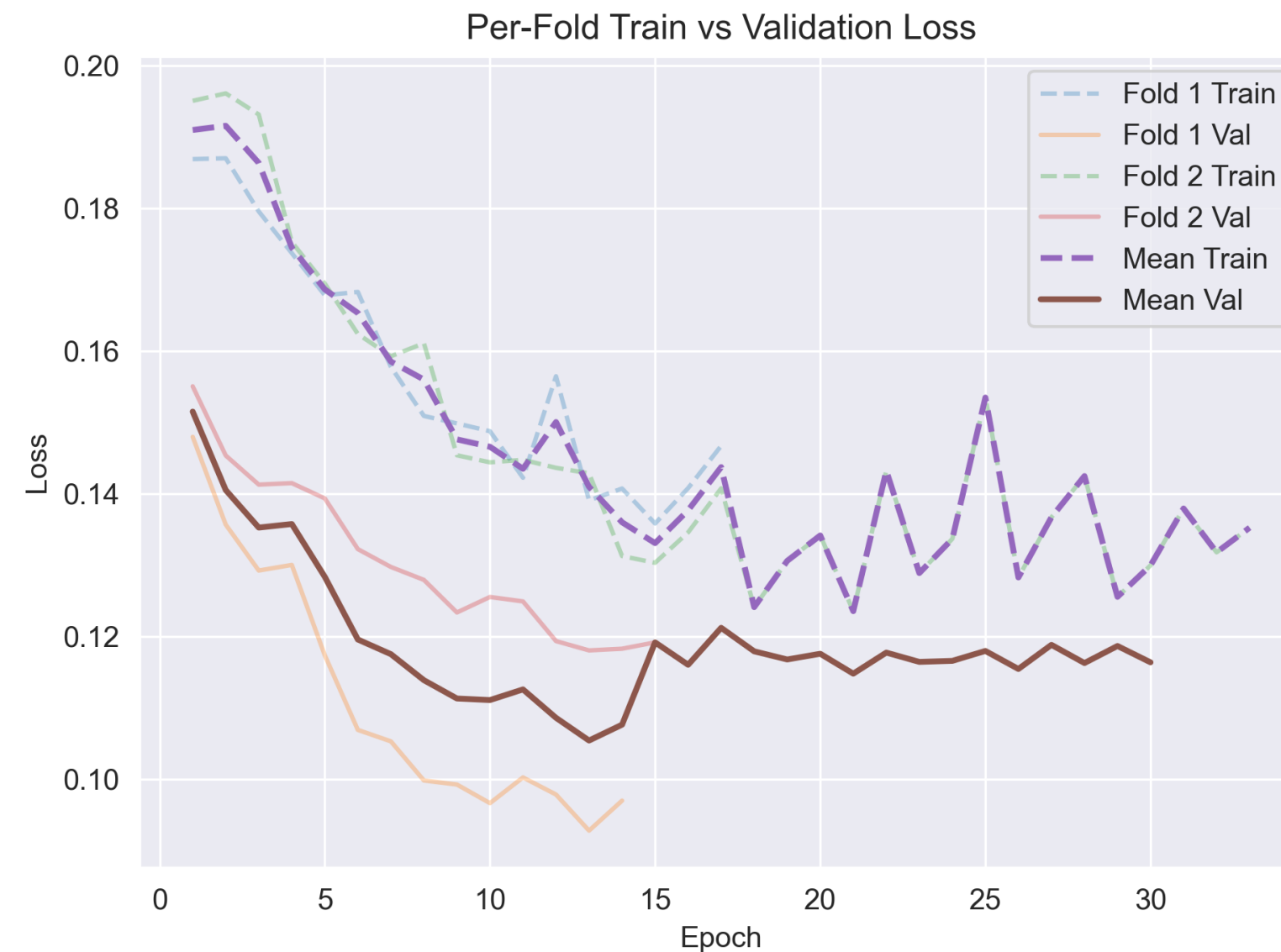


FIGURE 4 – Courbes d'apprentissage.

Conclusion

- EfficientNet-B0 atteint ~85–90% de détection de *M. anatoxicus* sur images microscopiques, montrant l'existence de motifs visuels pertinents, bien que non encore identifiés (risque de sur-apprentissage).
- L'utilisation d'EfficientNet-B0, du transfert d'apprentissage et d'augmentations ciblées confirme la faisabilité d'un pipeline réutilisable pour d'autres classifications en microbiologie.
- La perte de performance sur les données USA/NZ (~50% d'accuracy) révèle un apprentissage spécifique au domaine initial, soulignant le besoin de données diversifiées ou de méthodes d'adaptation de domaine.
- Comparaisons : nos 85–90 % sont cohérents avec l'état de l'art en classification d'images microscopiques, malgré un jeu de données restreint et des distinctions morphologiques subtiles.
- Arbitrage sensibilité/spécificité : priorité à la sensibilité pour minimiser les faux négatifs, choix métier intégré dès le paramétrage du modèle.
- Limites majeures : généralisation faible, dataset limité, absence de segmentation/localisation fine, bruit possible dans l'étiquetage, interprétabilité restreinte de Grad-CAM.
- Apports : première étude par Deep Learning sur *M. anatoxicus*, pipeline reproductible, intégration précoce de Grad-CAM et démonstration de la valeur du « quality over quantity » pour peu de données.

Recherches Futures

- Feuille de route claire pour enrichir et diversifier le jeu de données (multi-sites, in situ, multi-échelles).
- Passage à une classification multi-classes ou hiérarchique distinguant genres filamenteux et toxicité via modèles multi-sorties.
- Intégration d'une étape de détection/segmentation (YOLOv8, Faster R-CNN, UNet) pour localiser et classifier chaque filament.
- Fusion de l'imagerie avec des métadonnées contextuelles (provenance, conditions environnementales, date) pour renforcer les prédictions.
- Extension de l'approche à d'autres cyanobactéries et toxines, soit par modèles séparés, soit par un réseau global multi-classes.
- Exploration d'architectures de pointe (ViT hybrides, ConvNeXt) et optimisation autoML pour améliorer performance et robustesse.
- Déploiement vers un prototype opérationnel validé sur le terrain et multi-échelle pour une surveillance automatisée.

Références

- Katie Y. Conklin, Roula Stancheva, Thomas G. Otten, Ryan Fadness, Glenda L. Boyer, Emily B. Read, Xiaozhou Zhang, and Robert G. Sheath. Molecular and morphological characterization of a novel dihydroanatoxin-a producing microcoleus species (cyanobacteria) from the russian river, california, usa. *Harmful Algae*, 93 :101767, 2020.
- Filippo Nelli, Zongyuan Ge, Linda Blackall, Negar Taheriashtiani, Rebekah Henry, Douglas R. Brumley, Michael Grace, Aaron Jex, Michael Burch, Tsair-Fuh Lin, Cheryl Bertelkamp, Anusuya Willis, Li Gao, Jonathan Schmidt, Nicholas D. Crosbie, and Arash Zamyadi. Machine learning driven image segmentation and shape clustering of algal microscopic images obtained from various water types. *Computational and Structural Biotechnology Reports*, 1 :100014, 2024. Available online 28 August 2024.