Définition : Données Transcriptomiques ou données d'express Analyse Exploratoire de notre Jeux de données Normalisations des données Visualisation (ACP, T-SNE, UMAP) Construction de notre modèle Auto-encodeur Visualisation t-SNE

Présentation

BA Alpha Oumar Master 2 IMB

15/02/2022-15/08/2022

Définition :Données Transcriptomiques ou données d'express Analyse Exploratoire de notre Jeux de données Normalisations des données Visualisation (ACP,T-SNE.UMAP) Construction de notre modèle Auto-encodeur Visualisation t-SNE







Encadrée Par Misbah Razzaq (chercheuse associée à INRAE)



- Définition :Données Transcriptomiques ou données d'expression des gènes
 - Définition
 - Jeux de données
- 2 Analyse Exploratoire de notre Jeux de données
 - Figure et Valeurs aberrantes
 - Corrélation des données
 - Visualisations des données
- Normalisations des données
 - Méthodes CPM
 - Exemple
 - Méthodes MinMax
- Visualisation (ACP, T-SNE, UMAP)
 - Méthodes ACP
 - Méthodes T-SNE



Définition : Données Transcriptomiques ou données d'express Analyse Exploratoire de notre Jeux de données Normalisations des données Visualisation (ACP,T-SNE,UMAP) Construction de notre modèle Auto-encodeur Visualisation t-SNE

- 5 Construction de notre modèle Auto-encodeur
 - Auto-encodeur
 - Modèle

6 Visualisation t-SNE

Définition : Données Transcriptomiques ou données d'express Analyse Exploratoire de notre Jeux de données Normalisations des données Visualisation (ACP,T-SNE,UMAP) Construction de notre modèle Auto-encodeur Visualisation t-SNE

les données transcriptomiques sont issues de technologies variées (Polymerase Chain Reaction—PCR en temps réel, biopuces constituées d'acides désoxyribonucléique—ADN—complémentaires déposés sur membrane de nylon ou sur une lame de verre), chacune nécessitant des pré traitements spécifiques : Analyse d'image, quantification et normalisation.

	C01_FC_NS	C02_FC_S	C03_FB1_NS	C04_FB1_S	C05_FB2_NS	C06_FB2_S	C19_FC_NS	C20_FC_S	C21_FB1_NS	C22_FB1_S	 C42_FB2_S	B1a
0	34.81	37.97	35.30	37.23	37.59	38.26	36.92	40.29	36.11	39.09	 27.20	37.91
1	36.73	38.98	41.54	35.71	36.76	35.10	31.63	33.15	36.44	32.62	 40.63	36.21
2	34.18	35.63	33.06	37.59	36.00	36.25	33.19	32.72	35.03	37.03	 39.07	37.55
3	38.40	37.28	35.47	38.75	33.93	39.65	38.19	35.25	38.83	41.51	 37.02	37.46
4	37.48	41.67	42.32	38.22	39.72	36.94	34.61	32.98	39.62	38.24	41.51	36.83

Figure – Jeux de données

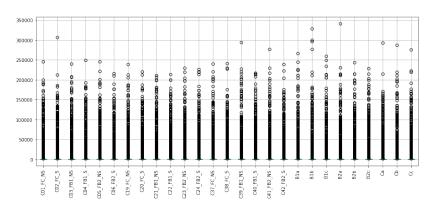


Figure – Boxplot des valeurs aberrantes

Soit $X_1, X_2,, X_n$ les données ordonnées dans l'ordre croissant, les données $X_1 e t X_n$ sont respectivement l'observation extrême inférieur et supérieur. On cherche les valeurs aberrantes en dehors de

$$[\bar{X}-1.5(Q_3-Q_1);\bar{X}+1.5(Q_3-Q_1)]$$

.

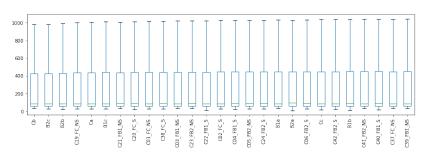
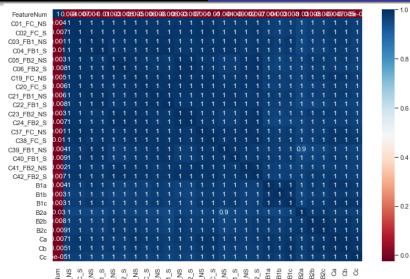


Figure – Boxplot de l'ensemble des observations

Définition : Données Transcriptomiques ou données d'express Analyse Exploratoire de notre Jeux de données Normalisations des données Visualisation(ACP,T-SNE,UMAP) Construction de notre modèle Auto-encodeur Visualisation t-SNE

Définition : Données Transcriptomiques ou données d'express Analyse Exploratoire de notre Jeux de données Normalisations des données Visualisation (ACP,T-SNE,UMAP) Construction de notre modèle Auto-encodeur Visualisation t-SNE



FB1_8

répresentations des observations

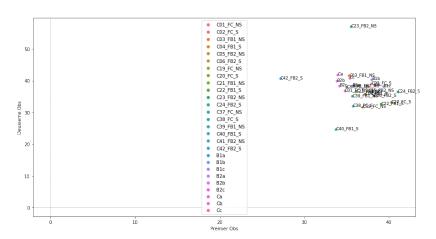


Figure – nuages de points des observations

Nous séquencons une bibliothèque avec 5M de lectures. Parmi eux, un total de 4M appariées à la séquences du génome et 5000 lectures appariées à un gène donnée.

$$CPM = \frac{5000 * 10^6}{4 * 10^6} = 1250$$

$$X_{normalise} = \frac{X - X_{min}}{X_{max} - X_{min}}$$

avec :

- X_{min} : la plus petite valeur observée pour la feature X
- ullet X_{max} : la plus grande valeur observée pour la feature X
- X : la valeur du feature qu'on cherche à normaliser

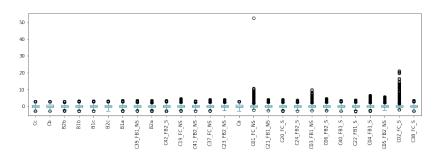
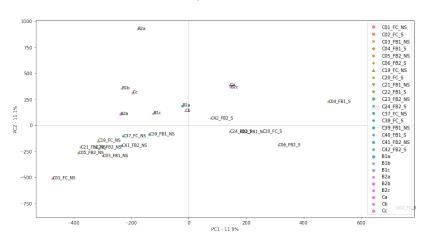


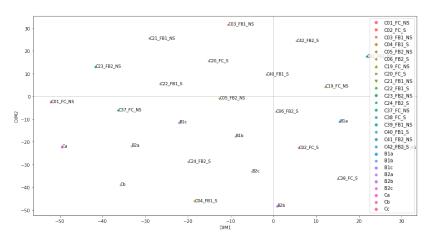
Figure - Après Normalisation

Premier plan factoriel (23.029%)



(a) méthode ACP

Définition :Données Transcriptomiques ou données d'express Analyse Exploratoire de notre Jeux de données Normalisations des données Visualisation (ACP,T-SNE,UMAP) Construction de notre modèle Auto-encodeur Visualisation t-SNE Visualisation avec T-SNF



(b) méthode T-SNE

Figure – Différentes méthodes de réductions de dimensions

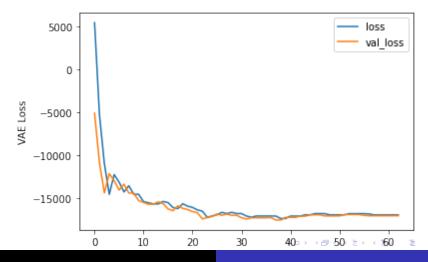
La variable "auto-encoder" représente le réseau dans son ensemble (modèle), commençant par encoder et finissant par decoder. Nous en définissons les caractéristiques d'apprentissage en spécifiant l'algorithme d'optimisation (Optimizer="adam").

Méthodes ACP Méthodes ACP sequential_input InputLayer sequential Sequential

Méthodes ACP Méthodes ACP

Figure – Auto-encoder

Nous pouvons représenter la décroissance de la fonction perte en utilisant l'objet 'historique' renvoyer par fit.



Visualisation avec VAE

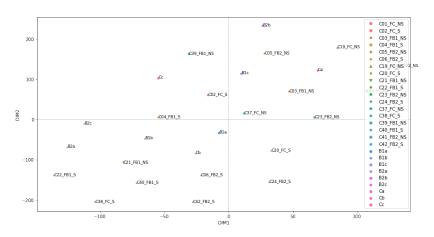


Figure – Visualisation t-SNE