INTRODUCTION
à l'INTELLIGENCE ARTIFICIELLE

PASS LYON EST 2026-2027

Pr Pascal Roy MD PhD

05 Nov 2026

1. VARIABILITE

Une Problématique (1)

Un patient n’est jamais identique à un autre !

sa maladie, sa réponse au traitement, son pronostic, tout varie ….

→ Comment Analyser, Comprendre, Décider dans un monde où la variabilité est la règle ?

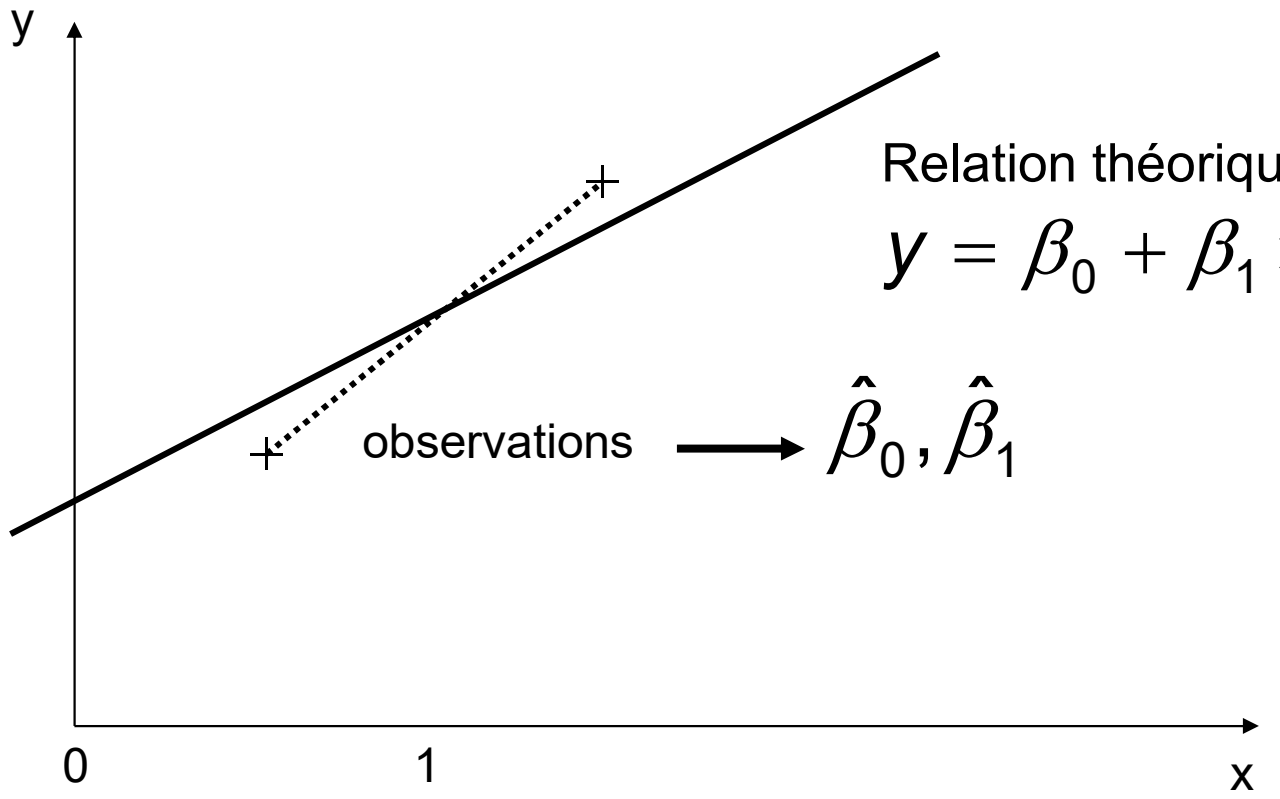
Une Problématique (2)

Si les patients étaient identiques entre eux, il n'y aurait pas besoin de biostatistique – mais il n'y aurait pas de médecine non plus : un médecin disposant de la « notice de fonctionnement de l'homme » y suffirait.

Valleron AJ *Préface*. Beuscart R, Benichou J, Roy P, Quantin C. *Biostatistique,* Omniscience ®

2. ESTIMATION

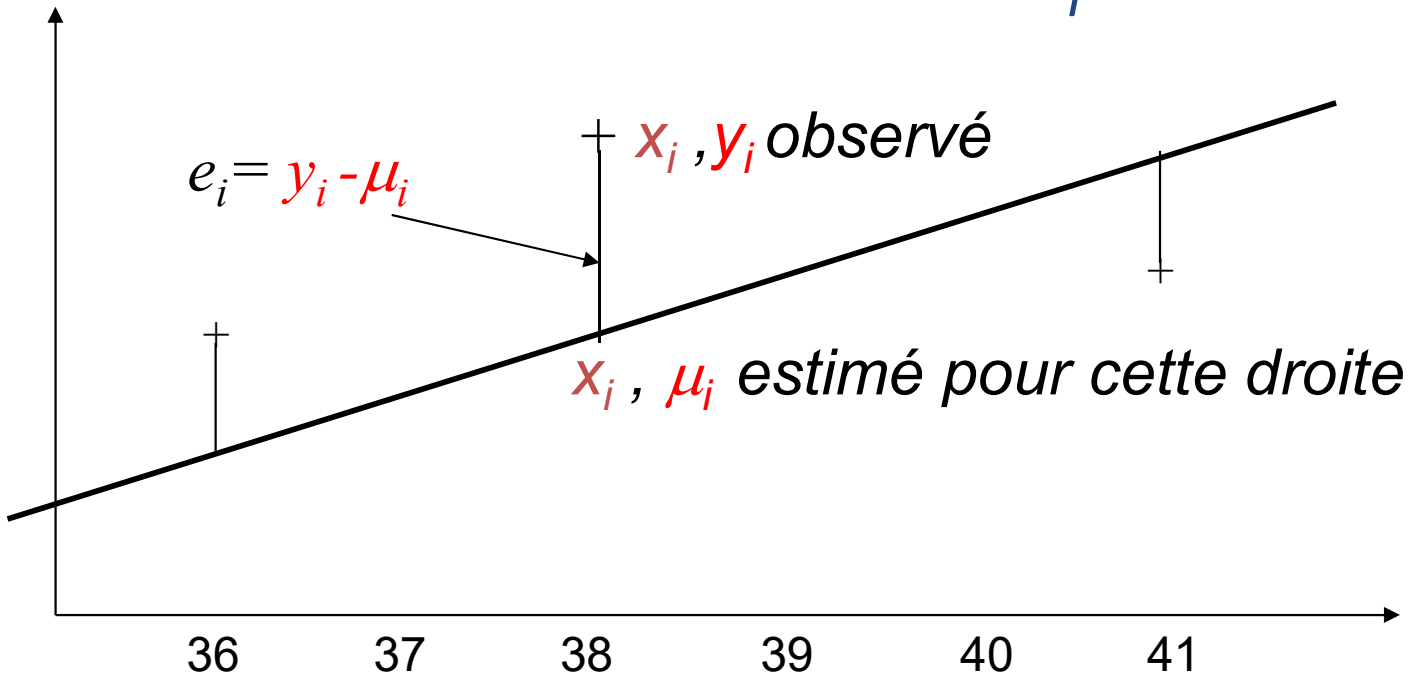
Modèle Linéaire



$\hat{\beta}_0, \hat{\beta}_1$ Sont les estimations des paramètres du modèle

Modèle linéaire et Moindres Carrés Ordinaires

Choisir la droite qui minimise la somme des carrés des écarts e_i



Estimation et *estimateur* des MCO

Choisir les paramètres de sorte que

$$\sum_{i=1}^{n} e_i^2 = \sum_{i=1}^{n} (y_i - \mu_i)^2 = \sum_{i=1}^{n} [y_i - (\beta_0 + \beta_1 x_i)]^2$$ *soit le plus petit possible*

Les valeurs $\hat{\beta}_0, \hat{\beta}_1$ qui rendent minimale cette somme

des carrés des écarts sont les ***estimations*** **des paramètres.**

La fonction qui associe *ces valeurs des paramètres* à un *échantillon* s 'appelle un *estimateur.*

C'est donc une function qui mesure "l'accord" des données avec la valeur des paramètres.

Diapos du cours sur la Régression (Pr D MAUCORT-BOULCH / Dr M FAUVERNIER)

Méthode des Moindres Carrés Ordinaires

Principe

- Minimiser les écarts e_i
- Eviter que les écarts positifs et négatifs ne se compensent
- $E = \sum_{i=1}^{n} e_i^2 = \sum_{i=1}^{n} (y_i - b_0 - b_1.x_i)^2$

Résolution

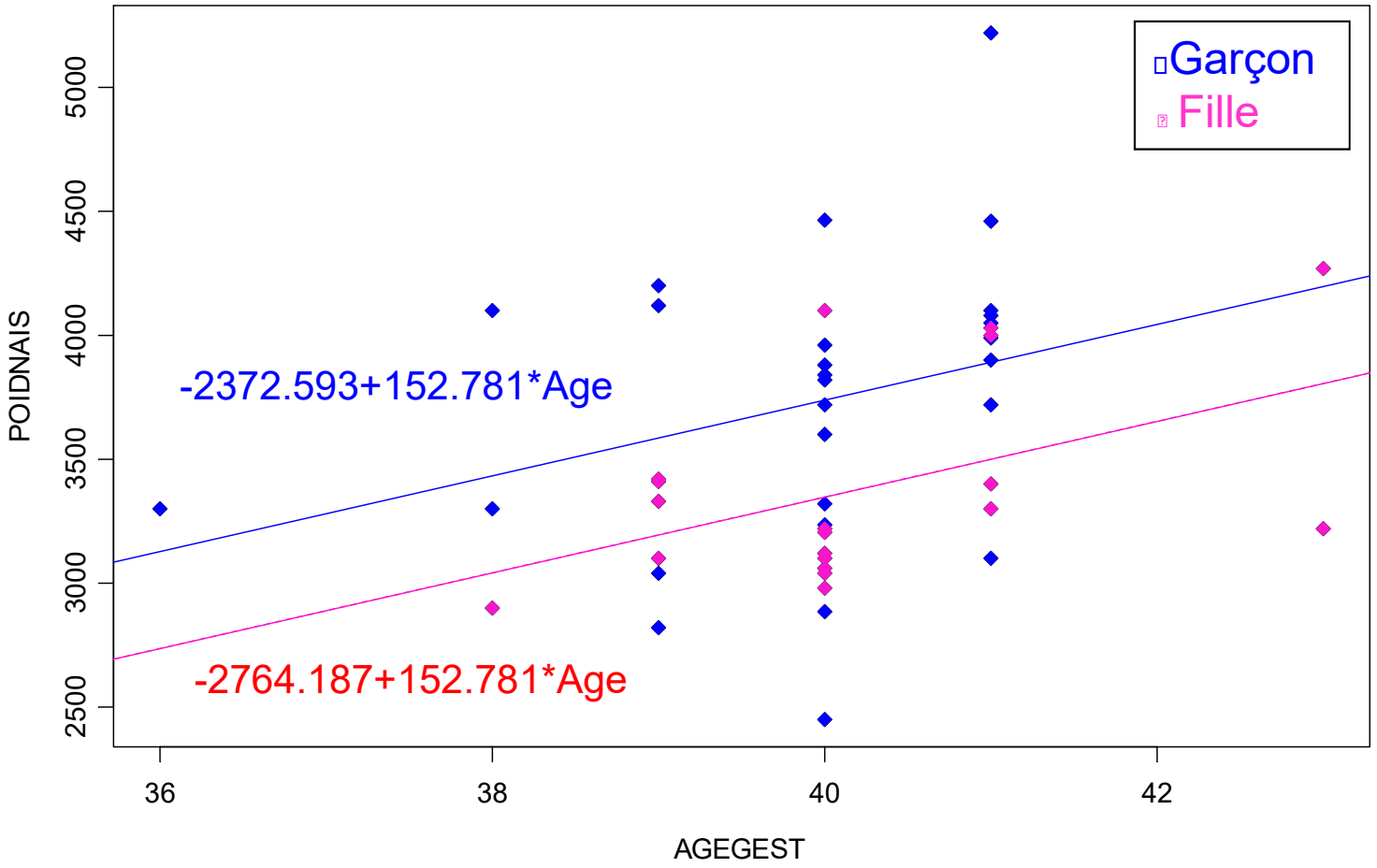
$$\begin{cases} \frac{\partial E}{\partial b_1} = 0 \\ \frac{\partial E}{\partial b_0} = 0 \end{cases}$$

Une solution unique $\begin{cases} b_1 = \frac{s_{XY}}{s_X^2} \\ b_0 = m_Y - b_1.m_X \end{cases}$

Vraisemblance

- La vraisemblance de ***la valeur d 'un paramètre*** est la probabilité des données si le paramètre a cette valeur
  - C 'est donc une quantité qui mesure « l 'accord » des données avec la valeur de ce paramètre
- La méthode du ***maximum de vraisemblance*** consiste à choisir pour estimation du (*ou des*) paramètre(*s*) la valeur qui a la vraisemblance maximale
  - C 'est donc une méthode générale de construction d 'estimateurs
- La ***Vraisemblance d'un modèle*** est la vraisemblance des estimations du maximum de vraisemblance de ses paramètres
- Maximiser la vraisemblance ou maximimiser la log-vraisemblance, ou minimiser l'opposé de la log-vraisemblance fournit les mêmes estimations des paramètres

Poids à la naissance / Age gestationnel



Modèle linéaire multivarié (ici avec 2 variables explicatives)

Maximum de vraisemblance du modèle linéaire

Pour les modèles linéaires, les estimations du maximum de vraisemblance sont identiques à celles moindres carrés. Il est donc possible d'utiliser l'une ou l'autre des méthodes.

Lorsque le modèle n'est pas linéaire, il n'est plus possible d'utiliser la méthode des moindre carrés. Les valeurs des paramètres du modèle sont estimées en maximisant la vraisemblance.

ESTIMATION DES PARAMETRES (β_j) DES MODELES

Linéaire

$$Y = \beta_0 + \sum \beta_j X_j + \varepsilon$$

Diagnostique (ex modèle logistique avec lien logit*)

$$\log\left(\frac{P}{1-P}\right) = \beta_0 + \sum \beta_j X_j + \varepsilon$$

Pronostique (ex modèle de survie de Cox)

$$\log\left(\frac{\lambda(t,X)}{\lambda(t,0)}\right) = \sum \beta_j X_j + \varepsilon$$

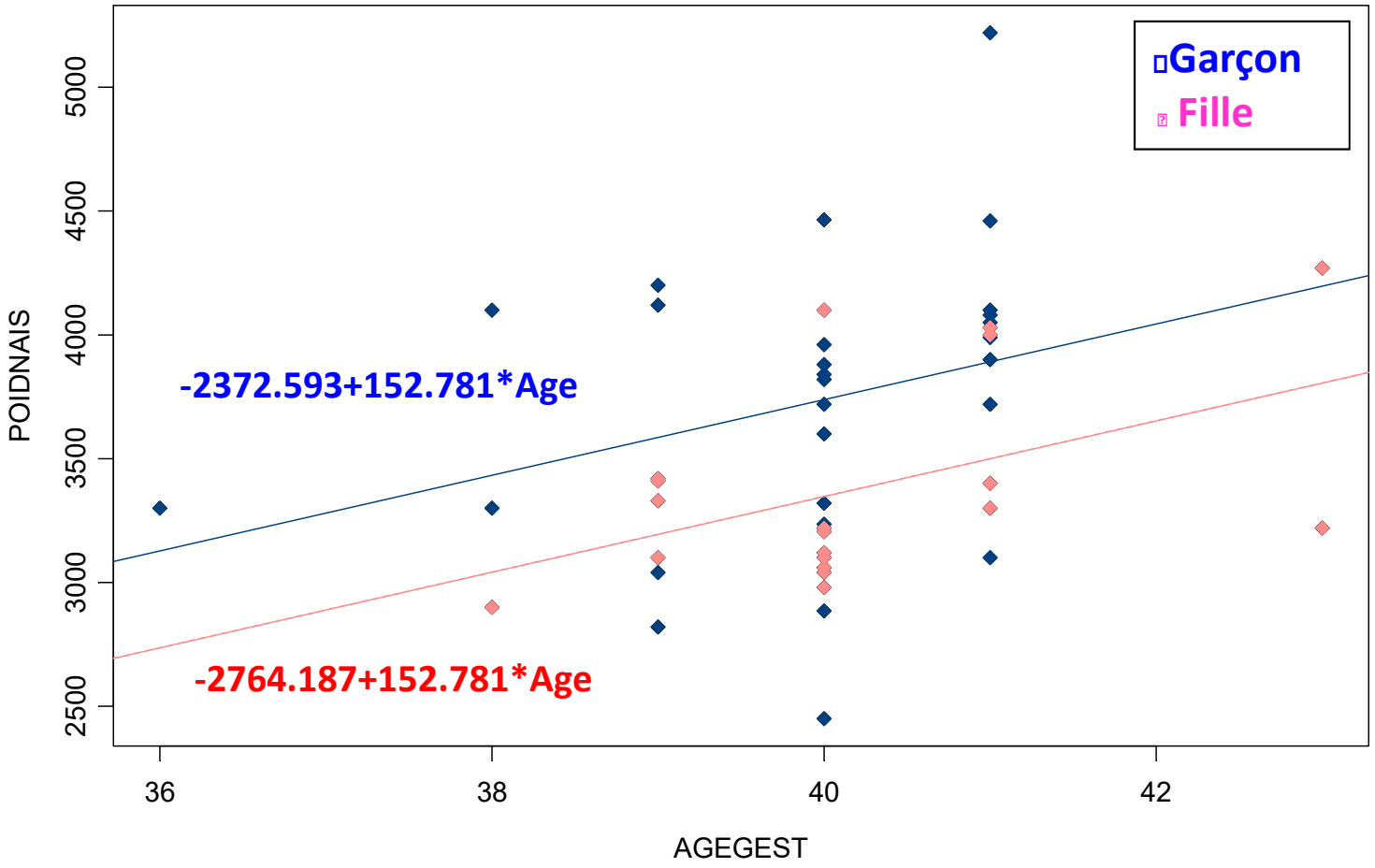
Théranostique (avec interaction)

… plus tard dans le cursus …

***le logit d'une probabilité est le logarithme népérien de l'odds de cette probabilité**

3. PART DE VARIANCE EXPLIQUEE

Variance totale et Variance expliquée



Ce modèle n'explique que très partiellement la variable réponse

4. BIG DATA
Données de Grandes Dimensions

Les données – La data

Grand nombre d'observations (n)

- Entrepôts de données
- Assurance maladie

Grand nombre de variables (m)

- Biologie moléculaire (omics)
- Imagerie médicale (radiomique)

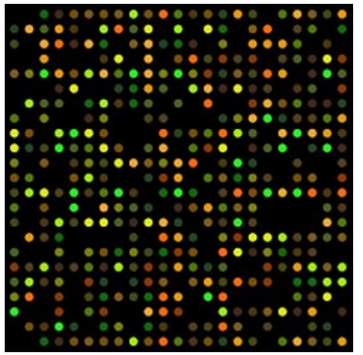
Grand nombre d'observations et de variables (n et m)

Omics (m>> n)

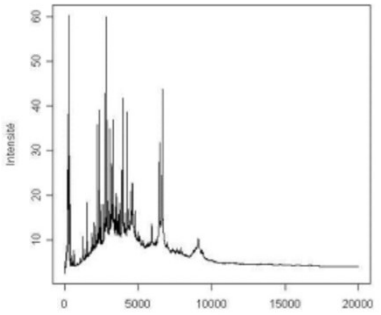
3×10^9 bases d'ADN (Génome entier)
GWAS 0.5-2 × 10^6 SNP



22 000 gènes (puces à ADN)



Quelques centaines de protéines et peptides analysées (sur un bien plus grand nombre)



APPROCHE PAR ETAPES

ETUDES D'IDENTIFICATION

(« échantillon d'apprentissage » ou « de travail »)

→ biomarqueurs candidats

Estimation des ampleurs d'effets

ETUDES DE VALIDATION

(« échantillon test indépendant » ou « population test »)

→ biomarqueurs confirmés ?

Ré-estimation des ampleurs d'effets

COMPRENDRE LE BIAIS D'OPTIMISME

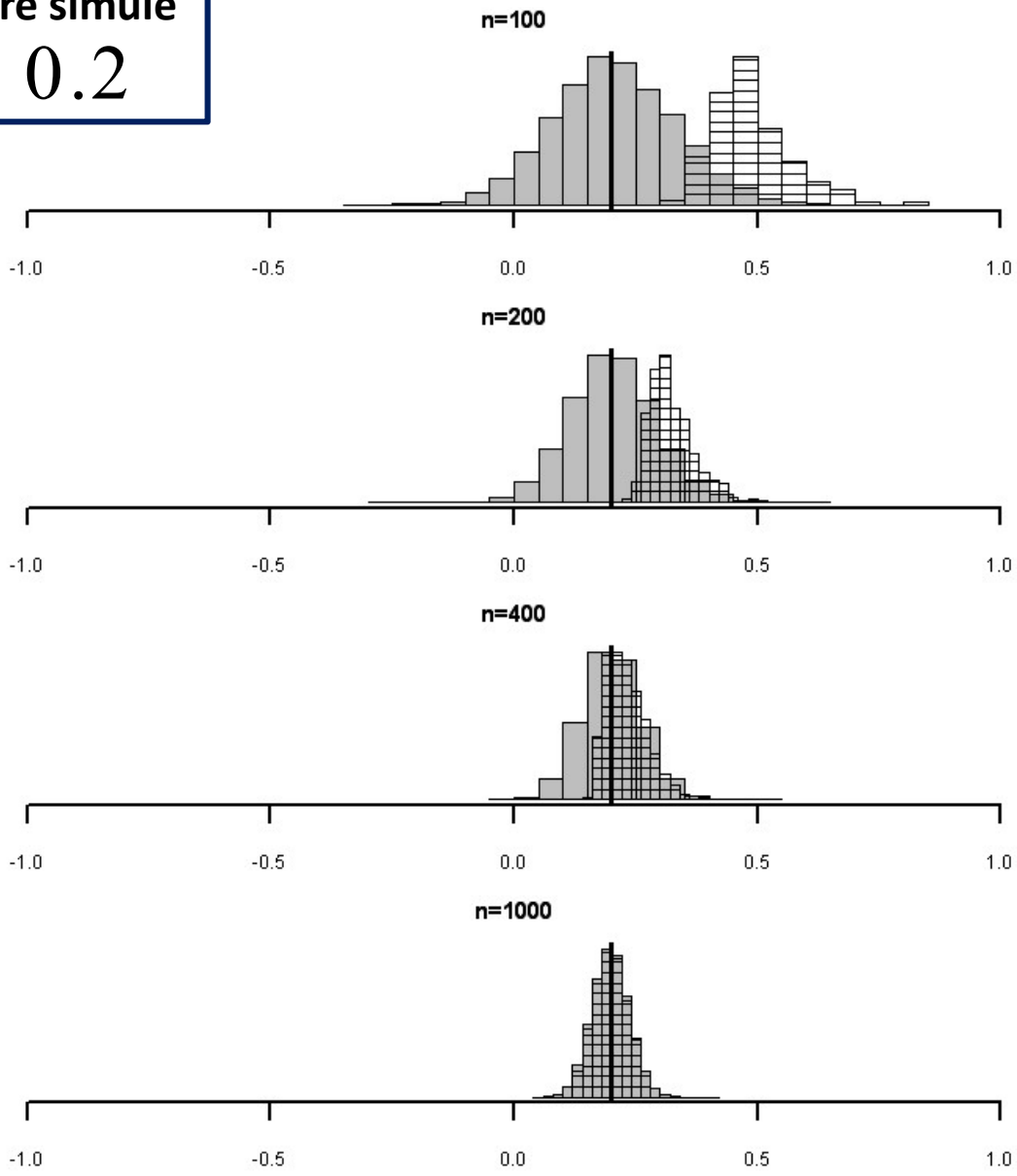
		Décision		
		H_0 non rejetée	H_0 rejetée	
Réalité	H_0 vraie	**U**	**V**	$\mathbf{m_0}$
	H_0 fausse	**T**	**S**	$\mathbf{m_1}$
		m-R	**R**	**m**

Table 1.Répartition des résultats des différents tests effectués

Biais d'optimisme des Etudes d'identification

Paramètre simulé

$$\beta = 0.2$$



Ω_{m1} 

Ω_S 

Truntzer C, Maucort-Boulch D, Roy P. *Journal of Proteomics & Bioinformatics* 2013;6:164-170

Méthodes Pénalisées

Méthodes LASSO, RIDGE, etc …

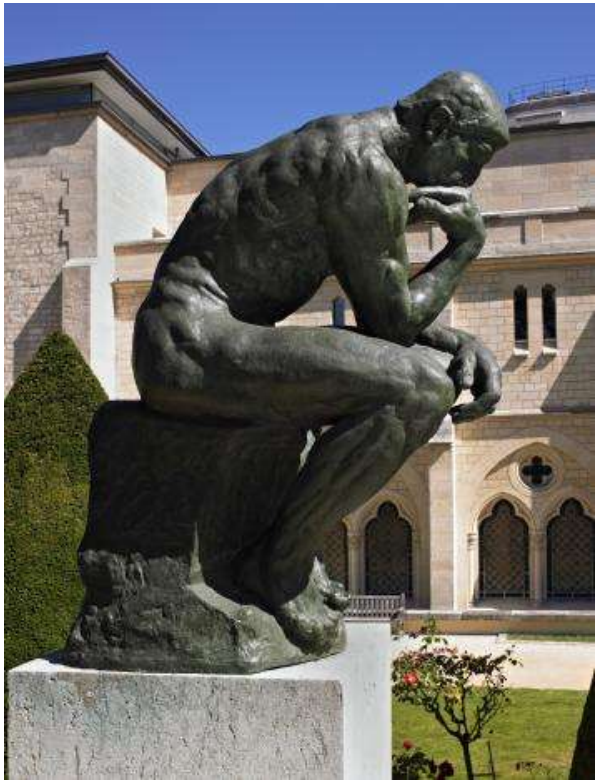
LASSO et RIDGE « rétrécissent » les estimations des valeurs absolues des paramètres

Le LASSO sélectionne des variables en ramenant à zéro les paramètres des variables non sélectionnées

5. INTELLIGENCE ARTIFICIELLE

Intelligence

faculté d'adaptation à l'environnement
→ apprentissage



Musée Rodin, Jean de Calan ®

Intelligence Artificielle

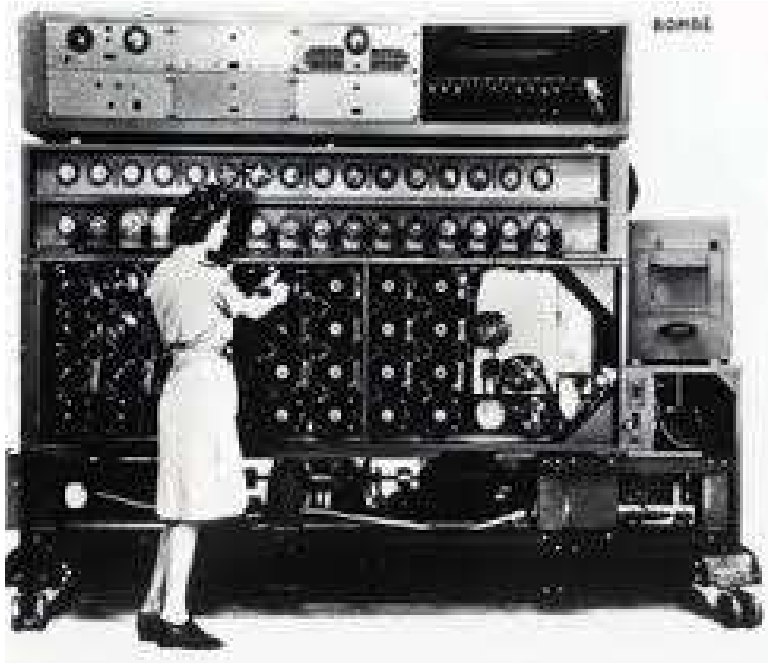
Résoudre des problématiques simples
ou complexes à l'aide de modèles usuels
et de réseaux de neurones
Extraction d'information à partir des données +++

« Central Intelligence Agency » (CIA)
se traduit
« Agence Centrale de Renseignement » !!!

Historique

Travaux de cryptanalyse

→ enigma Jerzy Rozycki
Marian Rejewski
Alan Turing



Bombe Electromécanique de Turing (CNRS)



Deep Blue IBM® (IBM.COM)
(Garry Kasparov en 1997)

Test de Turing
Performances des calculateurs

Nombreux résultats déjà disponibles

- Lecture informatique des électrocardiogrammes (ECG), radiographies, tomodensitométrie (TDM), imagerie par résonance magnétique nucléaire (RMI), photographies rétiniennes, lésions cutanées
- Signatures pronostiques (OMICs)

Dès à présent

- Intégration de données cliniques, génomiques, métabolomiques et environnementales pour aider au diagnostic de précision - Synthèse d'entretiens avec les patients (agents conversationnels médicaux « chatbot »)

Beal AL, Drazen JM, Kohane IS, Leong T-Y, Manrai AK, Rubin E. et al. *NEJM* 2023;**388:**1220-1

Haug CJ, Drazen JM. *NEJM* 2023;**388**:1201-8

Blanc C, Bailly A, Francis E et al. *Artificial Intelligence in Medicine*; 2022;**127**:102264

Intelligence Artificielle

L’information vient des données !

Analyse de données de grande dimension (BigData)

Puissance de calcul disponible

Quelle est l’Information réellement contenue dans les données

6. RESEAUX NEURONAUX

https://www.youtube.com/watch?v=zl2e0olIQ38

6.1. Réseau

Ensemble de neurones et de connexions entre neurones.

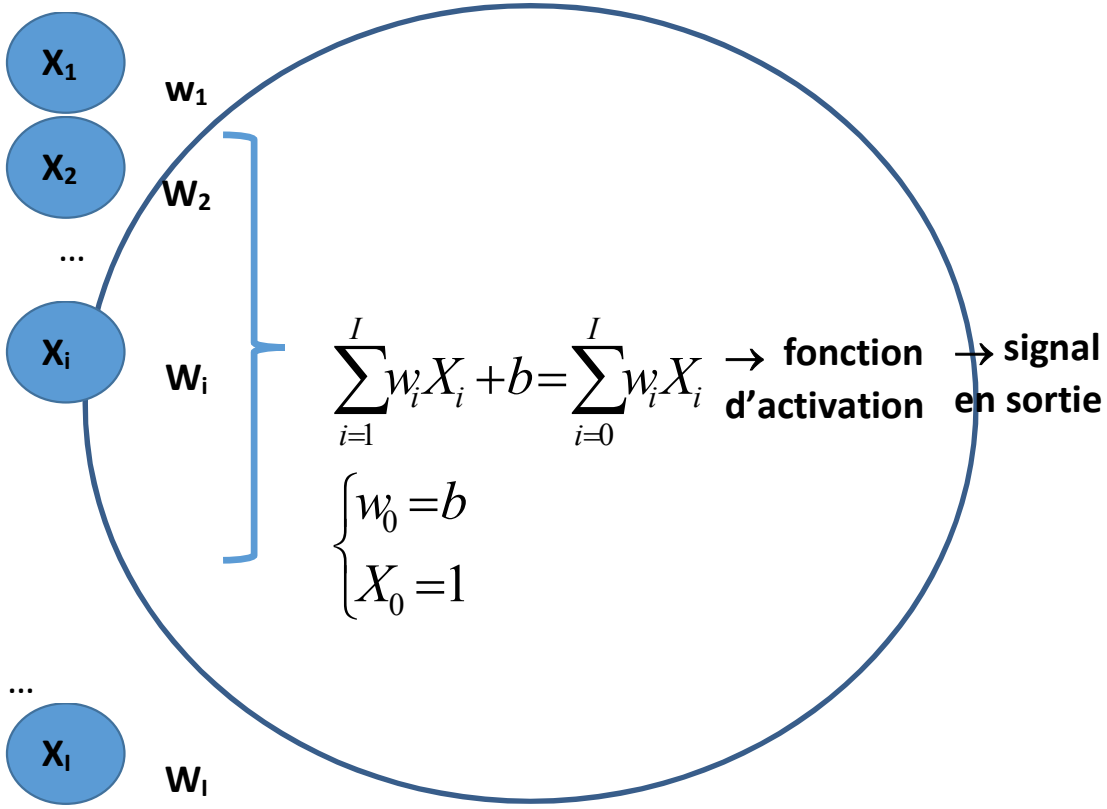
Les neurones reçoivent des signaux en entrée, les traitent et fournissent des signaux en sortie.

Les neurones sont des unités de calcul. Les traitements effectués peuvent être simples (e.g. sommation des signaux entrants) ou plus complexes.

Les connections caractérisent les flux entre neurones.

6.2. Perceptron monocouche

Schéma d'un ensemble de neurones recueillant I signaux en entrée, directement connectés à 1 ou plusieurs neurone(s) de sortie chacun avec sa fonction d'activation. I est la dimension du problème.



Pas de couche cachée, « I » Poids + 1 paramètre de biais (les paramètres du modèle) + 1 fonction d'activation par neurone de sortie.

Perceptron monocouche–Fonction d'activation d'Heaviside

La valeur de la forme linéaire obtenue est comparée à une valeur seuil θ. La fonction d'activation renvoyant un signal Boléen (2 états : Vrais ou Faux) à l'issue de cette comparaison.

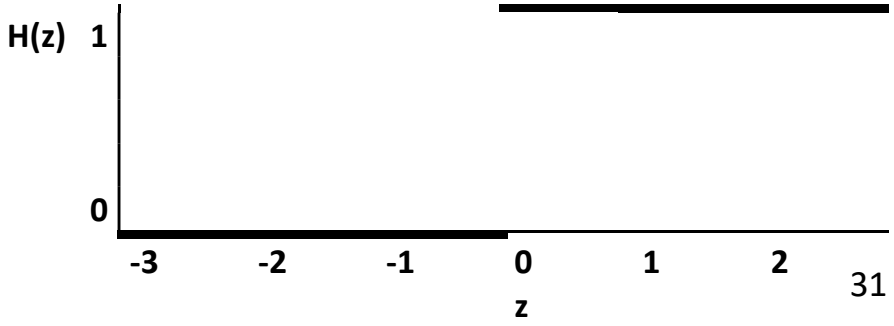
La fonction d'Heaviside renvoie 1 si la forme linéaire $\geq \theta$
0 sinon

Elle est discontinue en 0 (non dérivable en 0 au sens habituel)

Ce qui revient à comparer la valeur z (définie ci – dessous) à 0 avec

$$z = \sum_{i=0}^{I} w_i X_i - \theta$$

$$H(z) = \begin{cases} 0 & si \quad z < 0 \\ 1 & si \quad z \geq 0 \end{cases}$$

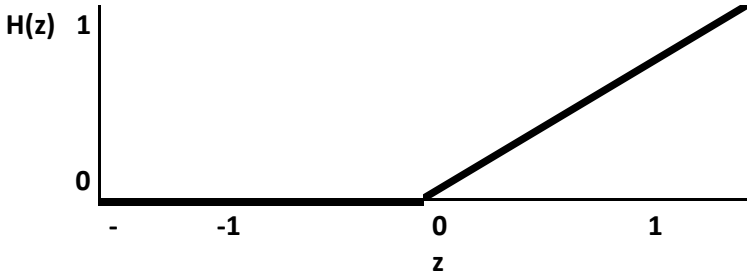


Autres fonctions d'activation (→ ensemble image)

fonction ReLU (Rectifier Linear Unit) R → [0 ; +∞[

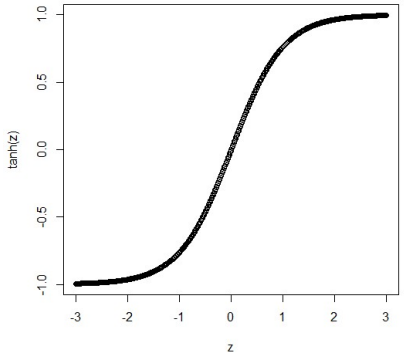
$$z = \sum w_i X_i - \theta$$

$$H(z) = \max(0, z)$$



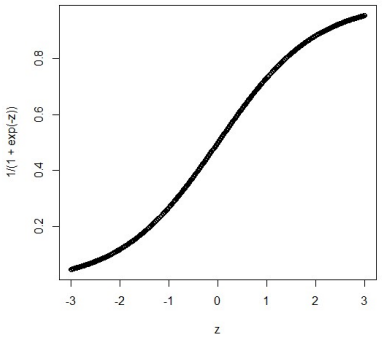
Fonction Tangente hyperbolique R → [-1 ; 1]

$$H(z) = \tanh(z)$$



Fonction sigmoïde (logistique) R → [0 ; 1]

$$H(z) = \frac{1}{1 + \exp(-z)}$$



Fonction softmax (extension de logistique)

Perceptron monocouche (exemple illustratif)

cas simple : 2 neurones en entrée

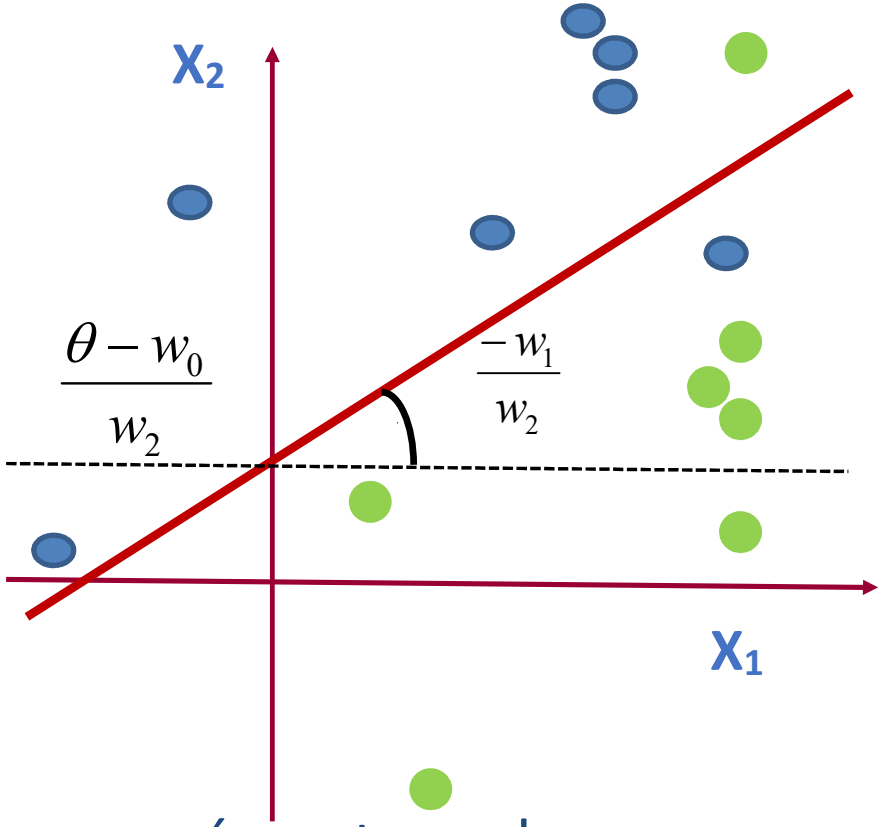
Fonction d'activation = fonction marche (Heaviside)

→ le modèle de classification conduit à séparer le plan d'axes X1 et X2 en 2 demi-plans séparés par une droite dont l'équation découle de l'annulation de z

$$z = 0$$

$$w_0 + w_1 X_1 + w_2 X_2 - \theta = 0$$

$$X_2 = \frac{1}{w_2}\left(\theta - w_0 - w_1 X_1\right)$$



Fonction marche :

3 neurones en entrée → séparateur plan

>3 neurones en entrée → séparateur hyperplan

Exemple illustratif d'un perceptron monocouche particulièrement simple (interprétable)

$$X_2 = \beta_0 + \beta_1 X_1$$

$$\beta_0 = \frac{-w_0}{w_2}$$

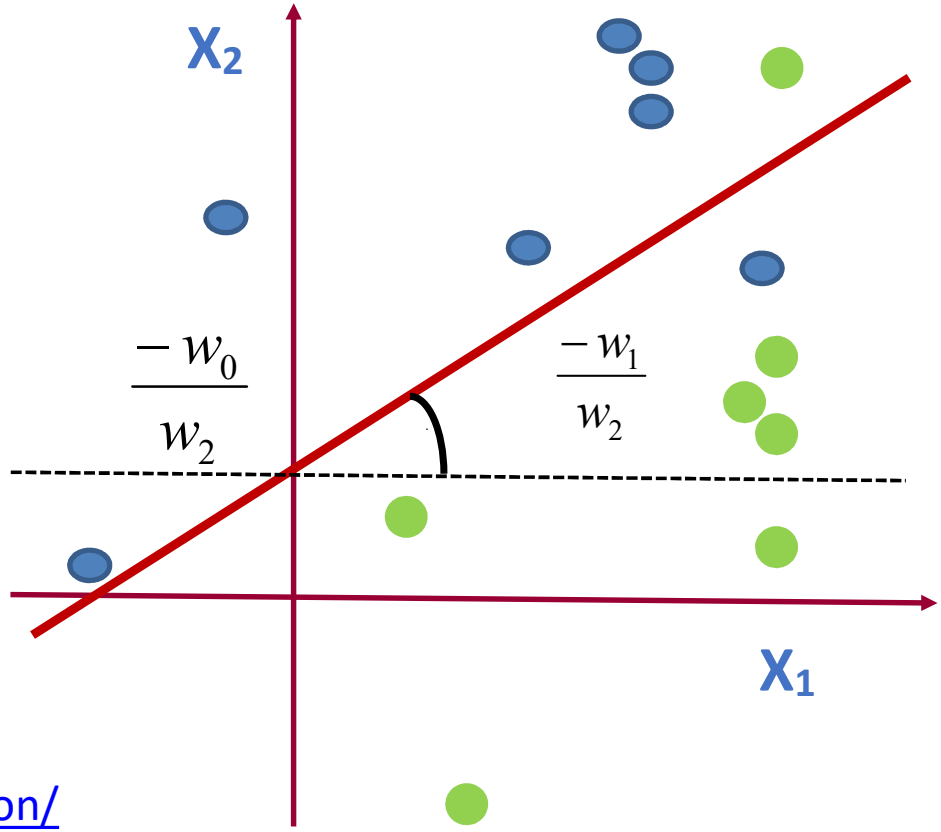
$$\beta_1 = \frac{-w_1}{w_2}$$

$$X_2 = .25 + 0.5\,X_1$$

$$\beta_0 = \frac{-w_0}{w_2} = \frac{-(-0.5)}{(2)}$$

$$\beta_1 = \frac{-w_1}{w_2} = \frac{-(-1)}{(2)}$$

→ https://lucleray.github.io/perceptron/



Perceptron monocouche (exemple illustratif)

$$X_2 = \beta_0 + \beta_1 X_1$$

$$\beta_0 = \frac{-w_0}{w_2}$$

$$\beta_1 = \frac{-w_1}{w_2}$$

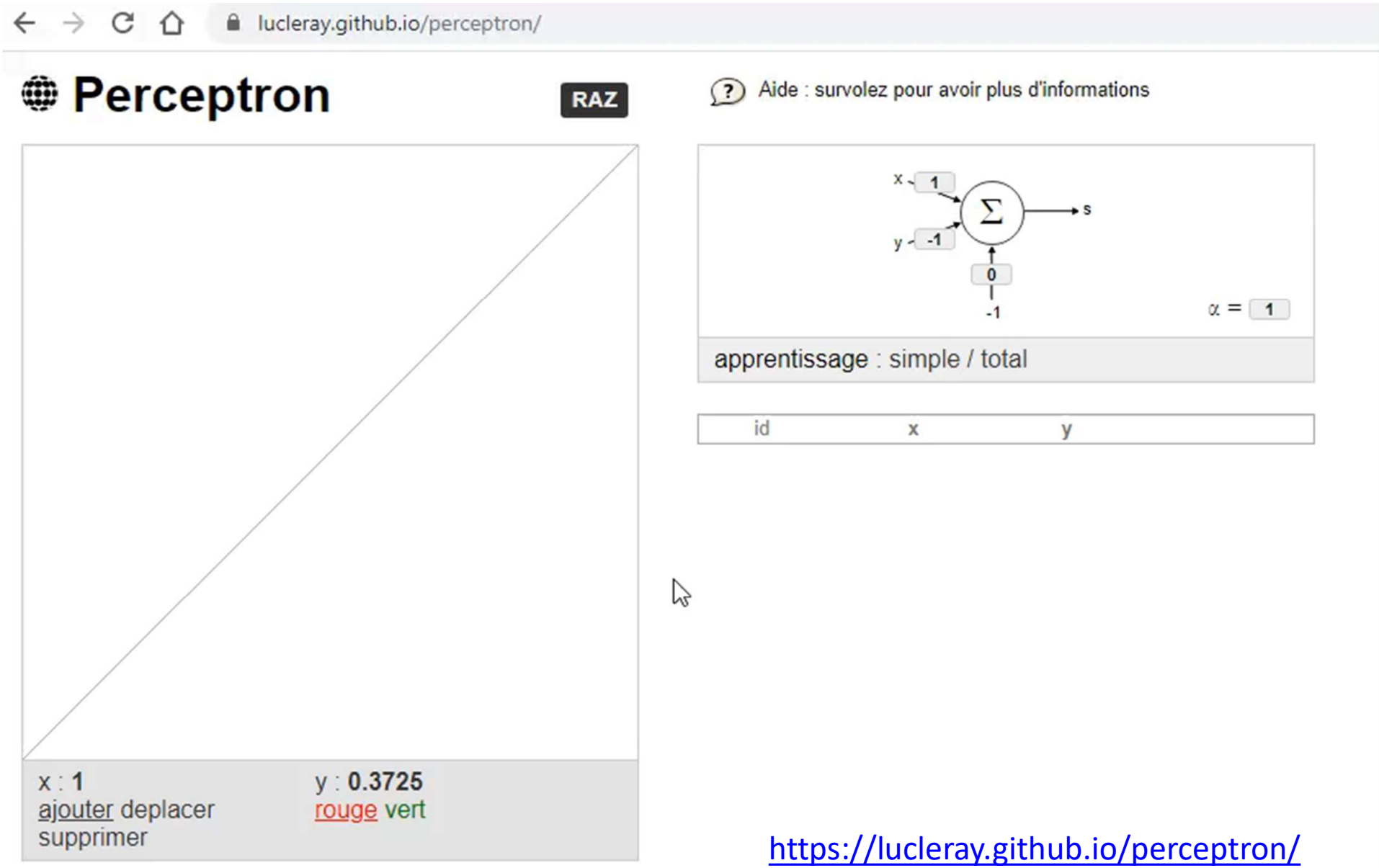
$$X_2 = .25 + 0.5 X_1$$

$$\beta_0 = \frac{-w_0}{w_2} = \frac{-(-0.5)}{(2)}$$

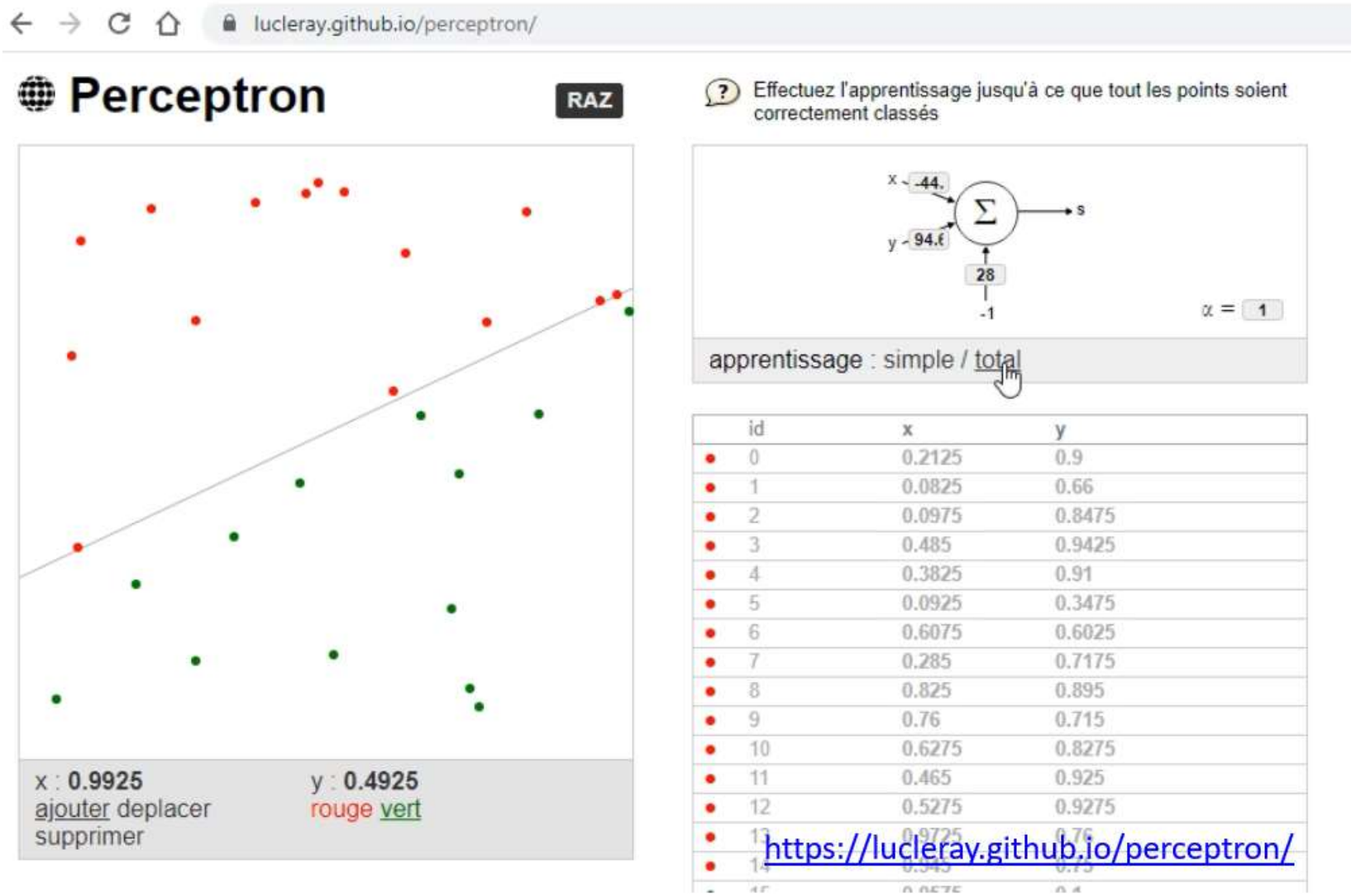
$$\beta_1 = \frac{-w_1}{w_2} = \frac{-(-1)}{(2)}$$

→ https://lucleray.github.io/perceptron/

Fonction d'activation sigmoïde – Algorithme de descente du gradient
(α : Coefficient d'apprentissage = learning rate / epoch : nombre de cycle)



https://lucleray.github.io/perceptron/



$$X_2 = \frac{-(-28)}{94.6} + \frac{-(-44)}{94.6} X_1 \approx 0.30 + 0.47 X_1$$

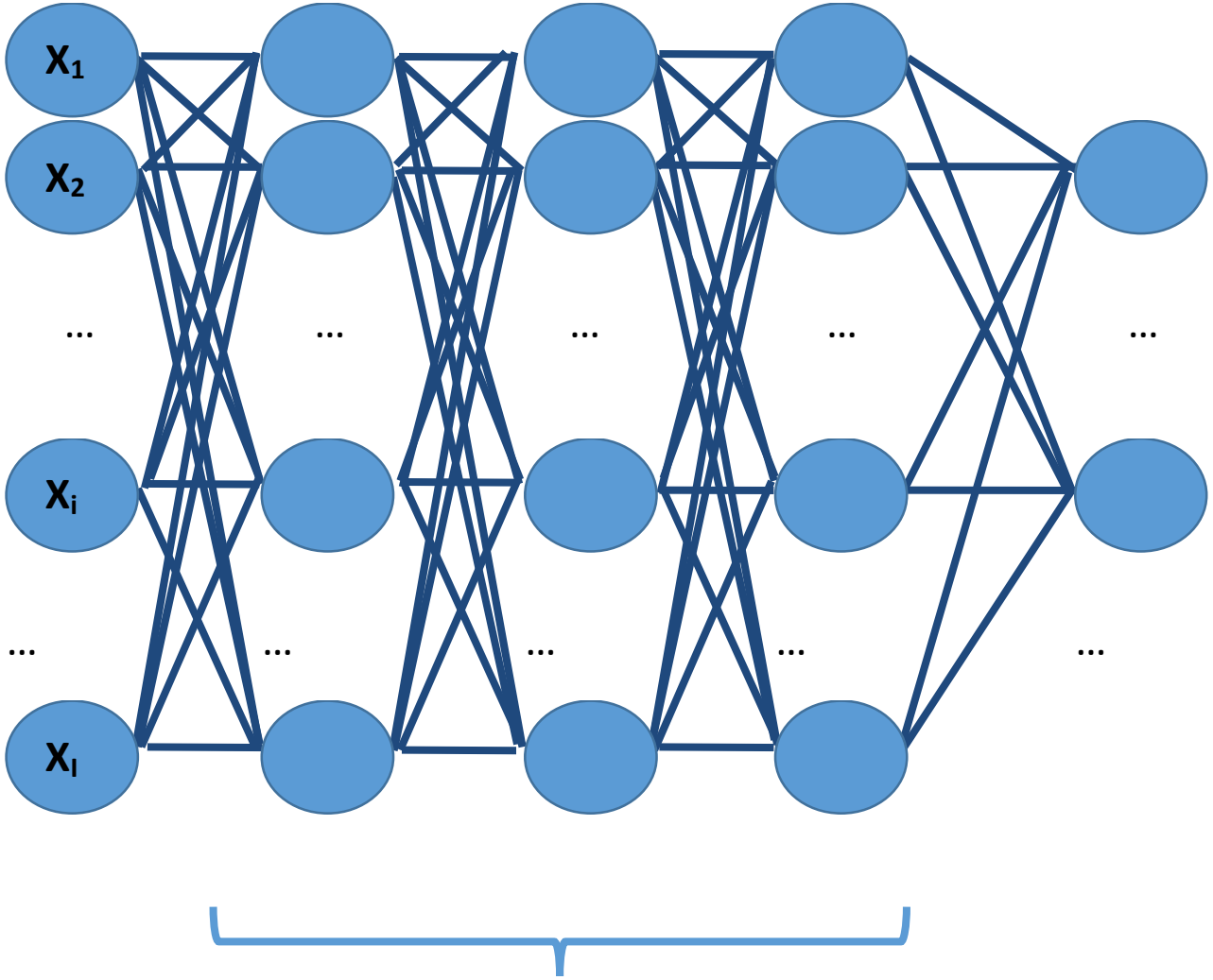
6.3. Réseau neuronal multicouche

Une couche d'entrée comprenant autant de neurones que de signaux à capter

Une ou plusieurs couches cachées

Une couche de sortie comprenant autant de neurones que de modalités d'intérêt

Réseau neuronal multicouche à propagation avant



Couche d'entrée

Couches cachées

Couche de Sortie

6.4. Architectures des réseaux multicouches

Réseaux neuronaux à propagation avant (feed-forward networks) (vus précédemment)

Réseaux récurrents (boucles d’activation)

6.5. Apprentissage supervisé (estimation des paramètres)

L'ajustement des poids se fait par apprentissage.
(= estimation des paramètres du modèle)
Valeurs initiales aléatoires, mise à jour en continue.

L'échantillon d'apprentissage intègre évidemment la variable réponse.

Méthodes de rétropropagation du gradient ou assimilées (de la dernière couche $\rightarrow$ la première) pour les réseaux à propagation avant

Méthodes de rétropropagation à travers le temps pour les réseaux récurrents

$\rightarrow$ Maximiser la vraisemblance, ou maximiser la log-vraisemblance, ou minimiser la fonction de perte (loss) (l'opposée de la log-vraisemblance) conduit aux mêmes estimations des paramètres

6.6. Performances des modèles de classification (sur échantillon test indépendant)

Accuracy (VP + VN) / (VP+VN+FP+FN) = *(exactitude)*

Caractéristiques intrinsèques

Recall *(rappel)* VP / (VP +FN) = sensibilité = Se

Specificity VN / (VN + FP) = spécificité = Sp

AUROC Aire sous la courbe ROC

		REALITE +	REALITE -
TEST	+	VP	FP
	-	FN	VN

Caractéristiques extrinsèques (dépendent également de la probabilité à priori π)

π

Precision VP / (VP + FP) = Valeur prédictive Positive (VPP)

VPN VN / (VN + FN) = Valeur prédictive négative (VPN)

score F1 F1-score = $\frac{2\,VP}{2\,VP+FP+FN} = \frac{2}{\frac{1}{precision}+\frac{1}{recall}}$

CONCLUSION

Une question médicale → un type d'étude →
Un modèle statistique = sa fonction de lien et son modèle d'erreur

Les réseaux de neurones sont des modèles statistiques !

Diapos 44 à 47 : Comprendre l'évolution des modèles (sans connaître les formules !!!)

Des modèles de complexité croissante :

1. GLM : Modèles Linéaires Généralisés (=apprentissage machine)
2. GAM : Modèles Additifs Généralisés (=apprentissage machine)
3. GDLM : Modèles « d'Apprentissage Profond Généralisés » qui intègrent des réseaux de neurones (=apprentissage profond)

Les performances prédictives de tous les modèles dépendent des caractéristiques de la « population test »

Les modèles les plus complexes n'ont pas toujours les meilleurs propriétés prédictives

MODELES

GLM

Linéaire $Y = \beta_0 + \sum \beta_j X_j + \varepsilon$

Diagnostique $\log\left(\frac{P}{1-P}\right) = \beta_0 + \sum \beta_j X_j + \varepsilon$

Pronostique $\log\left(\frac{\lambda(t,X)}{\lambda(t,0)}\right) = \sum \beta_j X_j + \varepsilon$

Theranostique $\log\left(\frac{P}{1-P}\right) = \beta_0 + \sum \beta_j X_j + \sum \gamma_j T X_j + \varepsilon$

$\log\left(\frac{\lambda(t,X)}{\lambda(t,0)}\right) = \sum \beta_j X_j + \sum \gamma_j T X_j + \varepsilon$

Estimation des paramètres → maximum de vraisemblance ou approche similaire

MODELES

GLM

Lien

erreur

Linéaire $Y = \beta_0 + \sum \beta_j X_j + \varepsilon$

(lien identité / erreur Normale)

Diagnostique $\log\left(\frac{P}{1-P}\right) = \beta_0 + \sum \beta_j X_j + \varepsilon$

(lien logit / erreur Binomiale)

Pronostique $\log\left(\frac{\lambda(t,X)}{\lambda(t,0)}\right) = \sum \beta_j X_j + \varepsilon$

Theranostique $\log\left(\frac{P}{1-P}\right) = \beta_0 + \sum \beta_j X_j + \sum \gamma_j T X_j + \varepsilon$

$\log\left(\frac{\lambda(t,X)}{\lambda(t,0)}\right) = \sum \beta_j X_j + \sum \gamma_j T X_j + \varepsilon$

Estimation des paramètres → maximum de vraisemblance ou approche similaire

MODELES

GAM

Linéaire $Y = f(X_1, X_2, \ldots, X_J) + \varepsilon$

Diagnostique $\log\left(\frac{P}{1-P}\right) = f(X_1, X_2, \ldots, X_J) + \varepsilon$

Pronostique $\log\left(\frac{\lambda(t,X)}{\lambda(t,0)}\right) = f(X_1, X_2, \ldots, X_J) + \varepsilon$

Theranostique $\log\left(\frac{P}{1-P}\right) = f(T, X_1, X_2, \ldots, X_J) + \varepsilon$

$\log\left(\frac{\lambda(t,X)}{\lambda(t,0)}\right) = f(T, X_1, X_2, \ldots, X_J) + \varepsilon$

Estimation des paramètres → maximum de vraisemblance ou approche similaire

MODELES

GDLM

Fonction de Lien (fonction d'activation de la couche K-1)

Linéaire $Y = \sum_{i=0}^{I} w_i Z_i^{K-1} + \varepsilon$

Diagnostique $\log\left(\frac{P}{1-P}\right) = \sum_{i=0}^{I} w_i Z_i^{K-1} + \varepsilon$

Pronostique $\log\left(\frac{\lambda(t,X)}{\lambda(t,0)}\right) = \sum_{i=0}^{I} w_i Z_i^{K-1} + \varepsilon$

Theranostique $\log\left(\frac{P}{1-P}\right) = \sum_{i=0}^{I} w_i Z_i^{K-1} + \varepsilon$

$\log\left(\frac{\lambda(t,X)}{\lambda(t,0)}\right) = \sum_{i=0}^{I} w_i Z_i^{K-1} + \varepsilon$

Estimation des paramètres → maximum de vraisemblance ou approche similaire

Merci pour votre attention !