



COLLOQUE
ATC

ASSOCIATION DES TECHNICIENS
EN CYTOGÉNÉTIQUE

29 & 30
SEPTEMBRE
2022

Centre de Rencontres
Internationales et de Séjour
DIJON



Intelligence Artificielle (IA) et Génétique

www.techniciens-cytogenetique.com

Pr Patrick CALLIER

Laboratoire de Génétique Chromosomique et Moléculaire
CHU DIJON



INTRODUCTION



1. C'est quoi l'Intelligence Artificielle (IA)?

Définition, historique et applications en Santé

2. IA et Génétique

Pourquoi l'IA en Génétique et exemples

3. IA au CHU de Dijon

Appliquée à la cytogénétique

Projet LAG

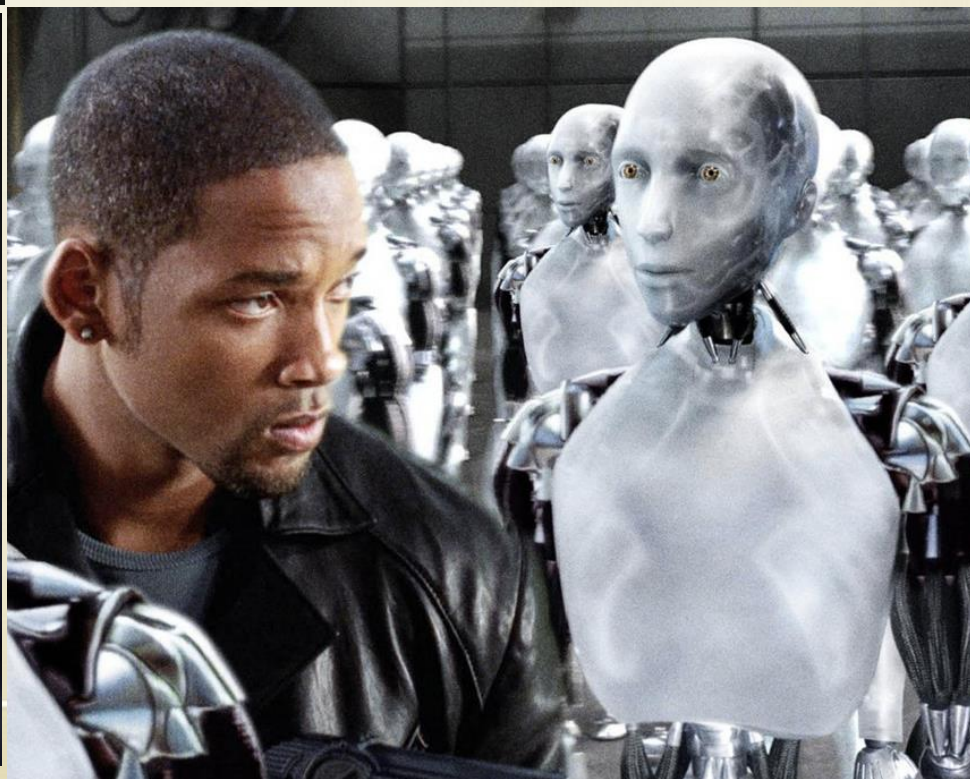
Formations en IA (DU, INeS..)

C'est quoi l'IA?





Intelligence Artificielle FILMS





1) C'est quoi l'IA ?

- **Définitions:**

« Intelligence démontrée par des machines (par opposition à l'intelligence naturelle, démontrée par les humains et autres animaux) »

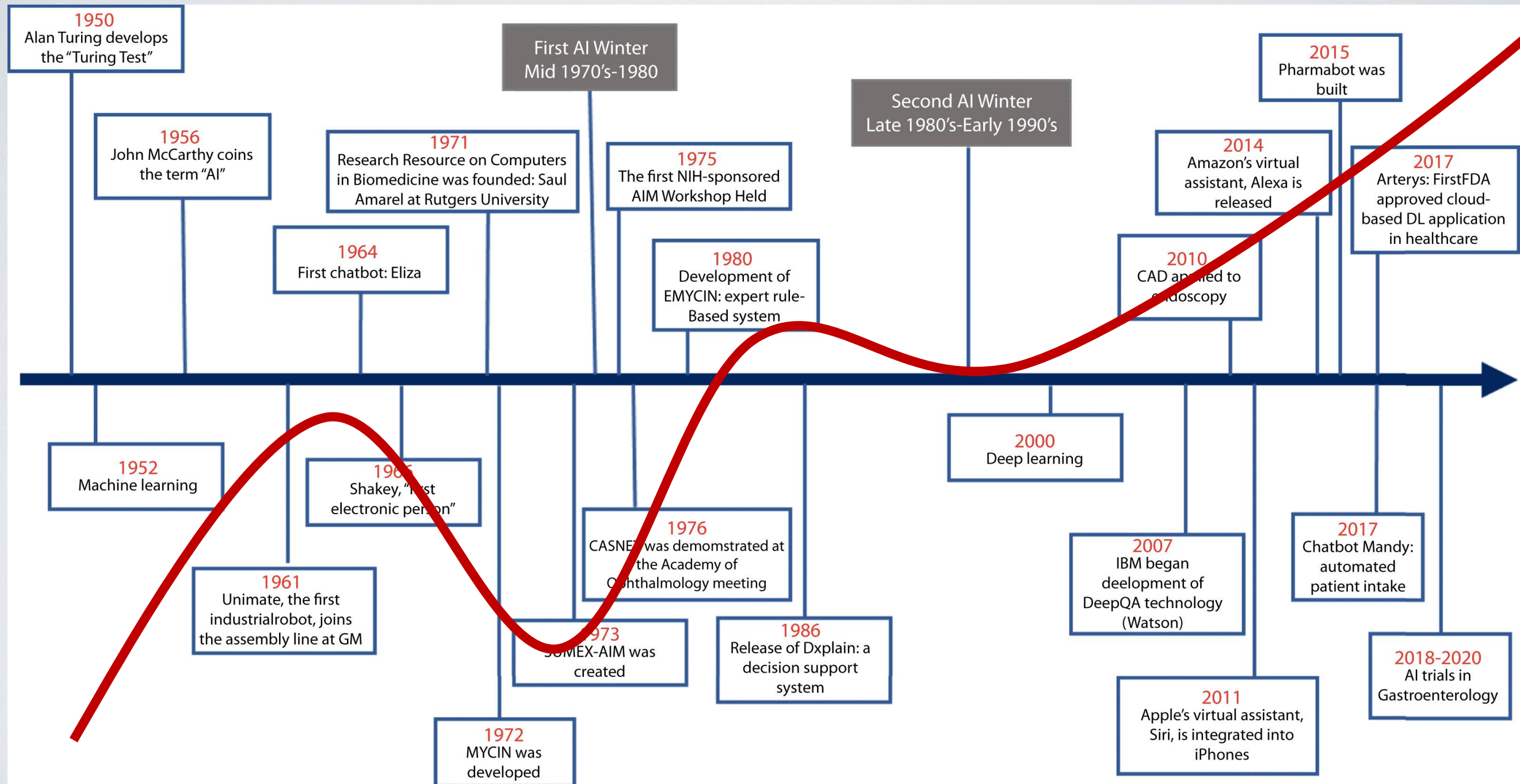
« L'intelligence artificielle cherche à produire des machines dotées de capacités de compréhension, de perception et parfois de décision, à même de simplifier, voire de remplacer l'intervention humaine »

« Science dont le but est de faire faire par une machine des tâches que l'homme accomplit par son intelligence »

« Capacité d'un système à interpréter des données externes, à apprendre de ces données, et à utiliser cet apprentissage pour remplir des objectifs spécifiques »

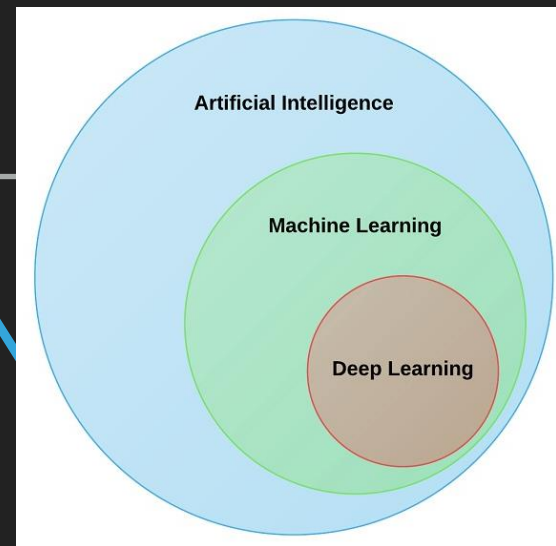
Histoire de l'IA en Médecine

Évolution du niveau d'adoption de l'I.A

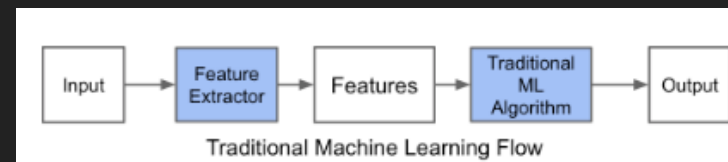
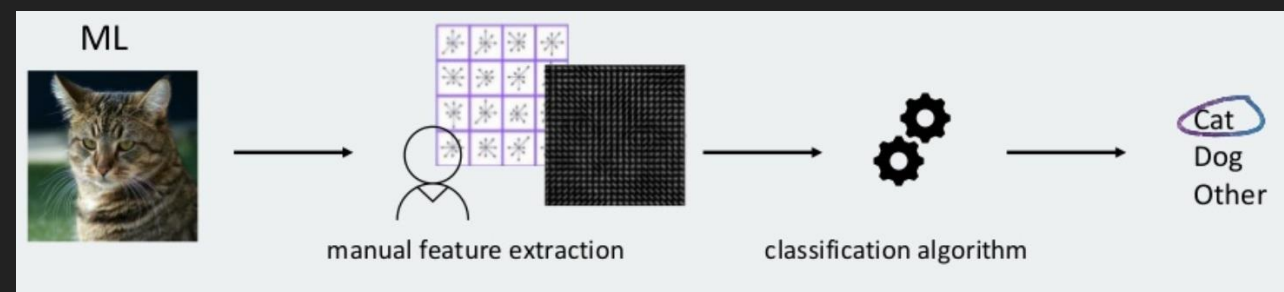


History of artificial intelligence in medicine, Vivek Kaul, MD, FASG

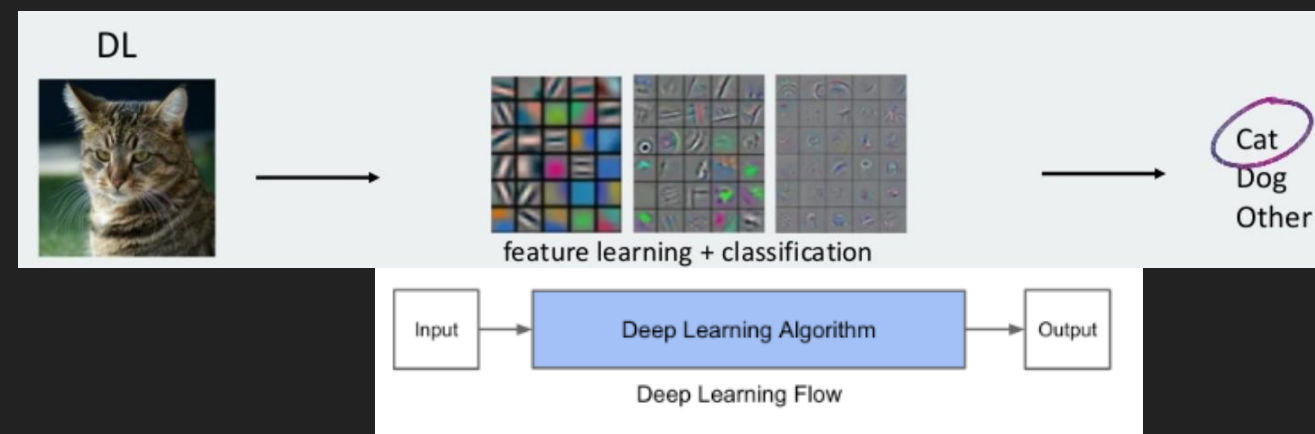
MACHINE LEARNING ET DEEP LEARNING



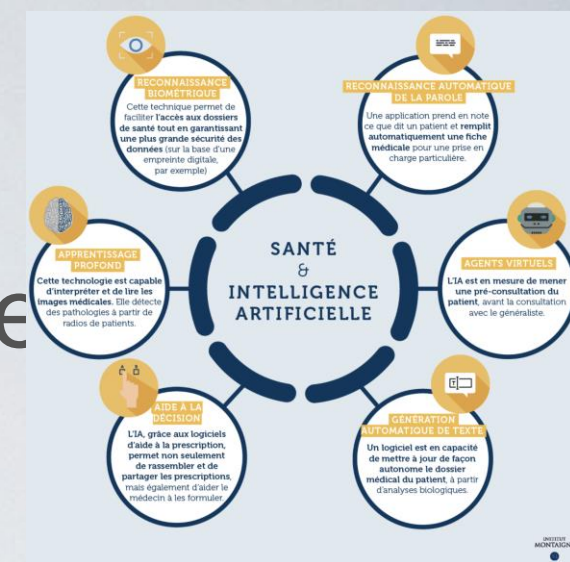
Le terme machine learning a été défini pour la première fois en 1959 par Arthur samuel et se traduit par **apprentissage automatique** (ordinateur capable d'apprendre sans être programmé).



Le Deep learning ou **apprentissage profond** s'appuie sur un réseau de neurones artificiels s'inspirant du cerveau.



Les applications de l'IA en médecine



MÉDECINE PRÉDICTIVE



PRÉDICTION D'UNE MALADIE
ET/OU DE SON ÉVOLUTION

MÉDECINE DE PRÉCISION



RECOMMANDATION DE
TRAITEMENT PERSONNALISÉ

AIDE À LA DÉCISION



DIAGNOSTIQUE
ET THÉRAPEUTIQUE

MEDECINE DES 4P

ROBOTS COMPAGNONS



NOTAMMENT POUR LES
PERSONNES ÂGÉES
OU FRAGILES

CHIRURGIE ASSISTÉE PAR ORDINATEUR



PRÉVENTION

en population générale

- ANTICIPATION D'UNE ÉPIDÉMIE
- PHARMACOVIGILANCE

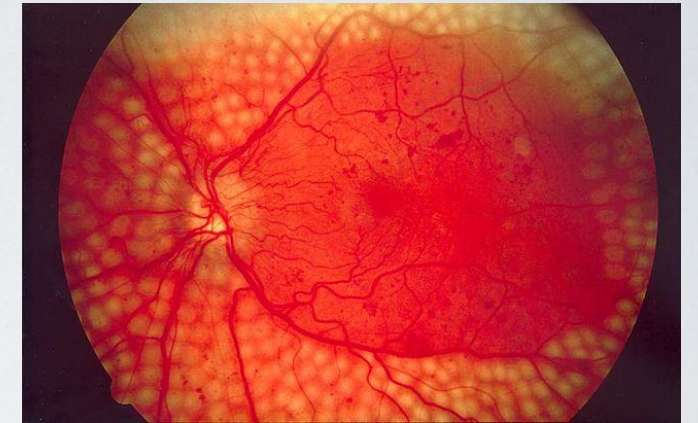
Les domaines d'application de l'IA en
médecine

Inserm

Exemples d'applications de l'IA en santé

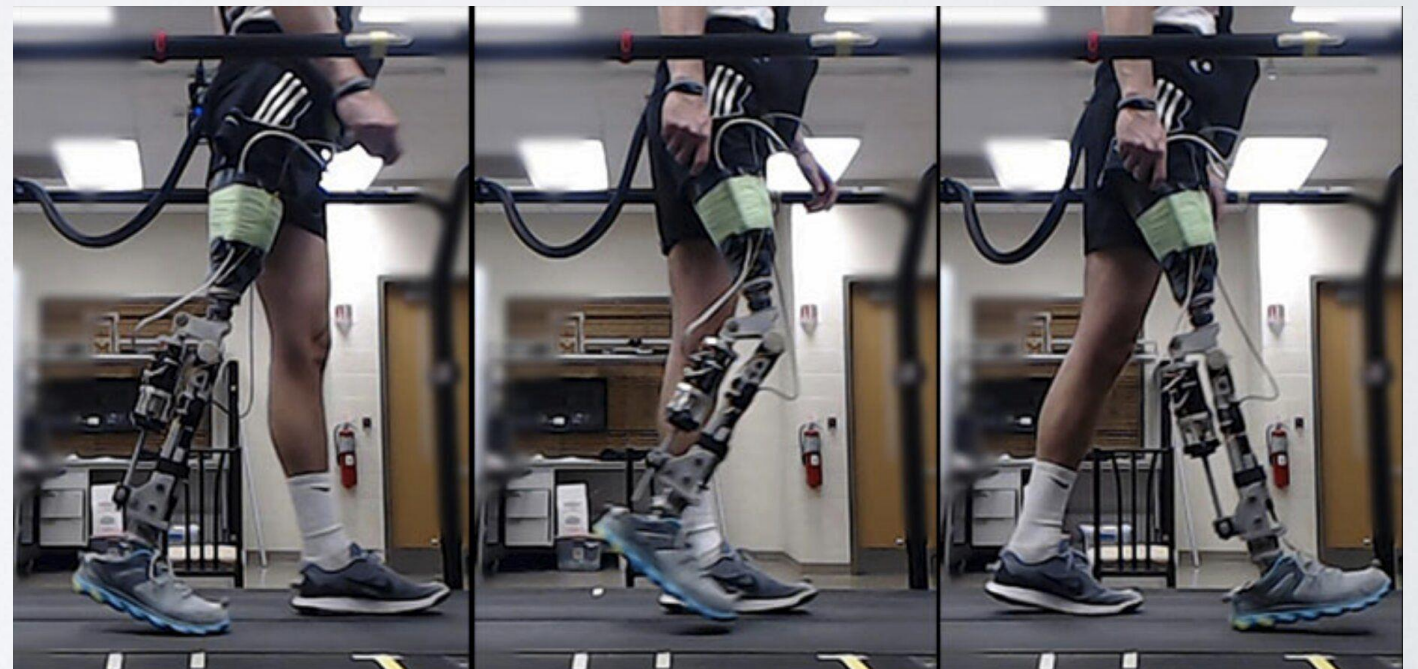


Aider à la prise en charge
des cancers du sein



Détection du mélanome et de la rétinopathie diabétique

Robotique



2) L'IA EN GENETIQUE

POURQUOI?

- L'analyse des données de génomiques haut-débit requiert le développement de nouvelles méthodes capable d'intégrer des données diverses, hétérogènes et de grandes dimensions (big datas).
- Dans ce cadre l'IA avec les approches de deeplearning et machine learning offre de nouvelles voies très prometteuses pour répondre à ces problèmes.

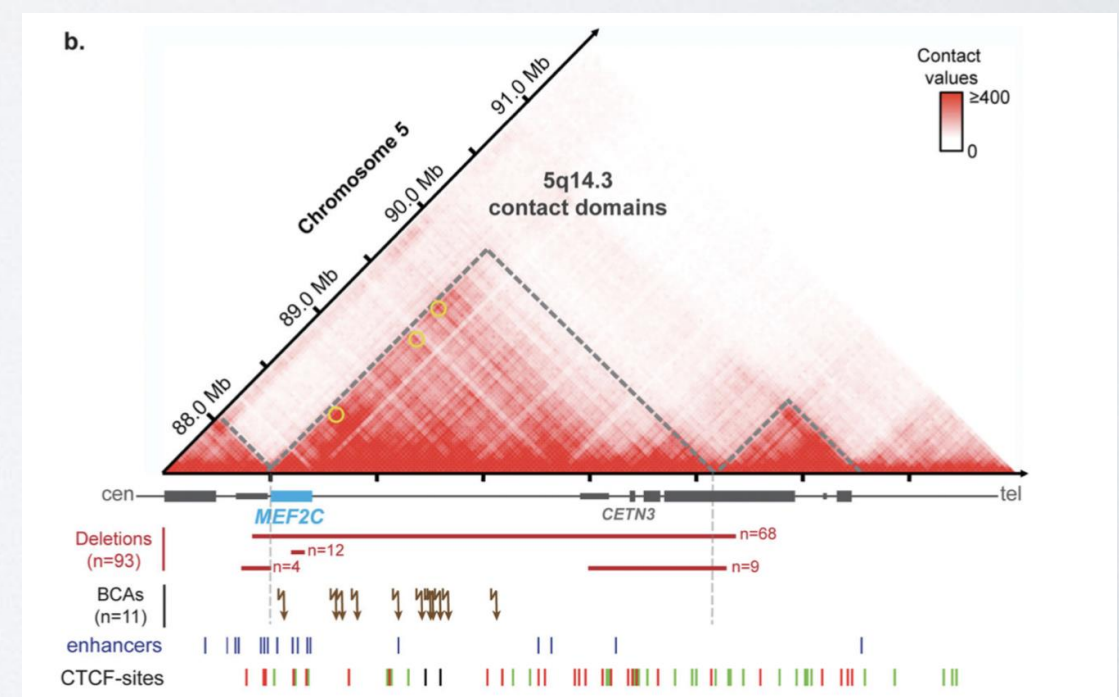
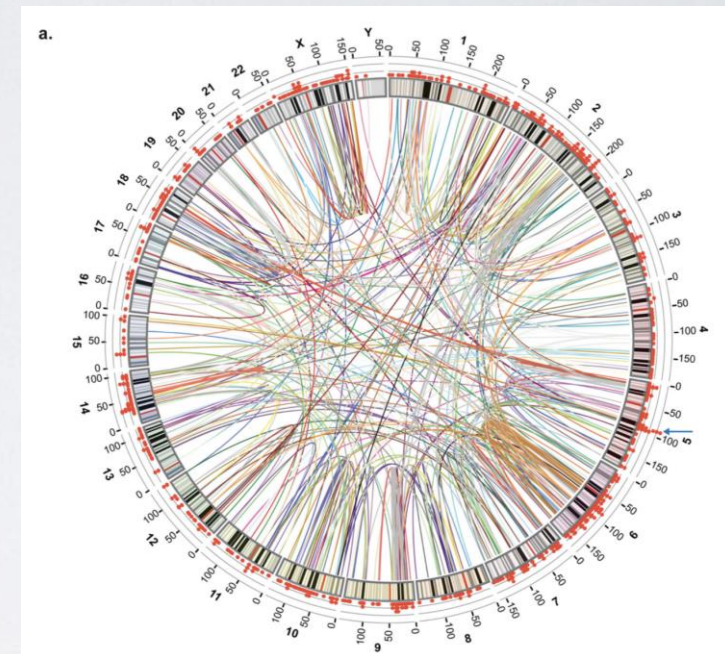
Médecine Génomique : Promesse et défis du 21e siècle

- **La promesse de la génétique**

- Mécanismes des maladies
- Nouveaux gènes cibles
- Nouvelles thérapies
- Médecine de précision ou Médecine personnalisée

- **Les défis de la génétique**

- 90% des hits sont non codants
- Gène cible reste inconnu
- Variant causal reste inconnu
- Mécanisme inconnu
- Régulateur inconnu (TAD..)



Articles: IA and GENOMICS

PERSPECTIVE

<https://doi.org/10.1038/s41588-018-0295-5>

nature
genetics

A primer on deep learning in genomics

James Zou^{1,2,3*}, Mikael Huss^{4,5}, Abubakar Abid³, Pejman Mohammadi^{6,7}, Ali Torkamani^{6,7} and Amalio Telenti^{6,7*}

Dias and Torkamani *Genome Medicine* (2019) 11:70
<https://doi.org/10.1186/s13073-019-0689-8>

Genome Medicine

REVIEW

Open Access

Artificial intelligence in clinical and genomic diagnostics

Raquel Dias^{1,2} and Ali Torkamani^{1,2*}



Computational and Structural Biotechnology Journal 18 (2020) 2300–2311

COMPUTATIONAL
AND STRUCTURAL
BIOTECHNOLOGY
JOURNAL

journal homepage: www.elsevier.com/locate/csbj

Review

Artificial intelligence (AI) and big data in cancer and precision oncology

Zodwa Dlamini^{*}, Flavia Zita Francies, Rodney Hull, Rahaba Marima

SAMRC/UP Precision Prevention & Novel Drug Targets for HIV-Associated Cancers (PPNDTHAC) Extramural Unit, Pan African Cancer Research Institute (PACRI), University of Pretoria, Faculty of Health Sciences, Hatfield 0028, South Africa



Computational and Structural Biotechnology Journal 18 (2020) 1466–1473

COMPUTATIONAL
AND STRUCTURAL
BIOTECHNOLOGY
JOURNAL

journal homepage: www.elsevier.com/locate/csbj

Review

Deep learning models in genomics; are we there yet?

Lefteris Koumakis

Foundation for Research and Technology - Hellas (FORTH), Institute of Computer Science, Heraklion, Crete, Greece



Machine Learning in Genomic Medicine: A Review of Computational Problems and Data Sets

This paper provides an introduction to machine learning tasks that are relevant to important problems in genomic medicine.

By MICHAEL K. K. LEUNG, ANDREW DELONG, BABAK ALIPANAHI, AND BRENDAN J. FREY



Human Molecular Genetics, 2018, Vol. 27, No. R1 R63–R71

doi: 10.1093/hmg/ddy115
Advance Access Publication Date: 10 April 2018
Invited Review

INVITED REVIEW

Deep learning of genomic variation and regulatory network data

Amalio Telenti^{1,*}, Christoph Lippert², Pi-Chuan Chang³ and Mark DePristo³

¹Scripps Translational Science Institute, The Scripps Research Institute, La Jolla, CA 92037, USA, ²Max Delbrück Center for Molecular Medicine, 13125 Berlin, Germany and ³Google Inc., Mountain View, CA 94043, USA

DEEP VARIANT

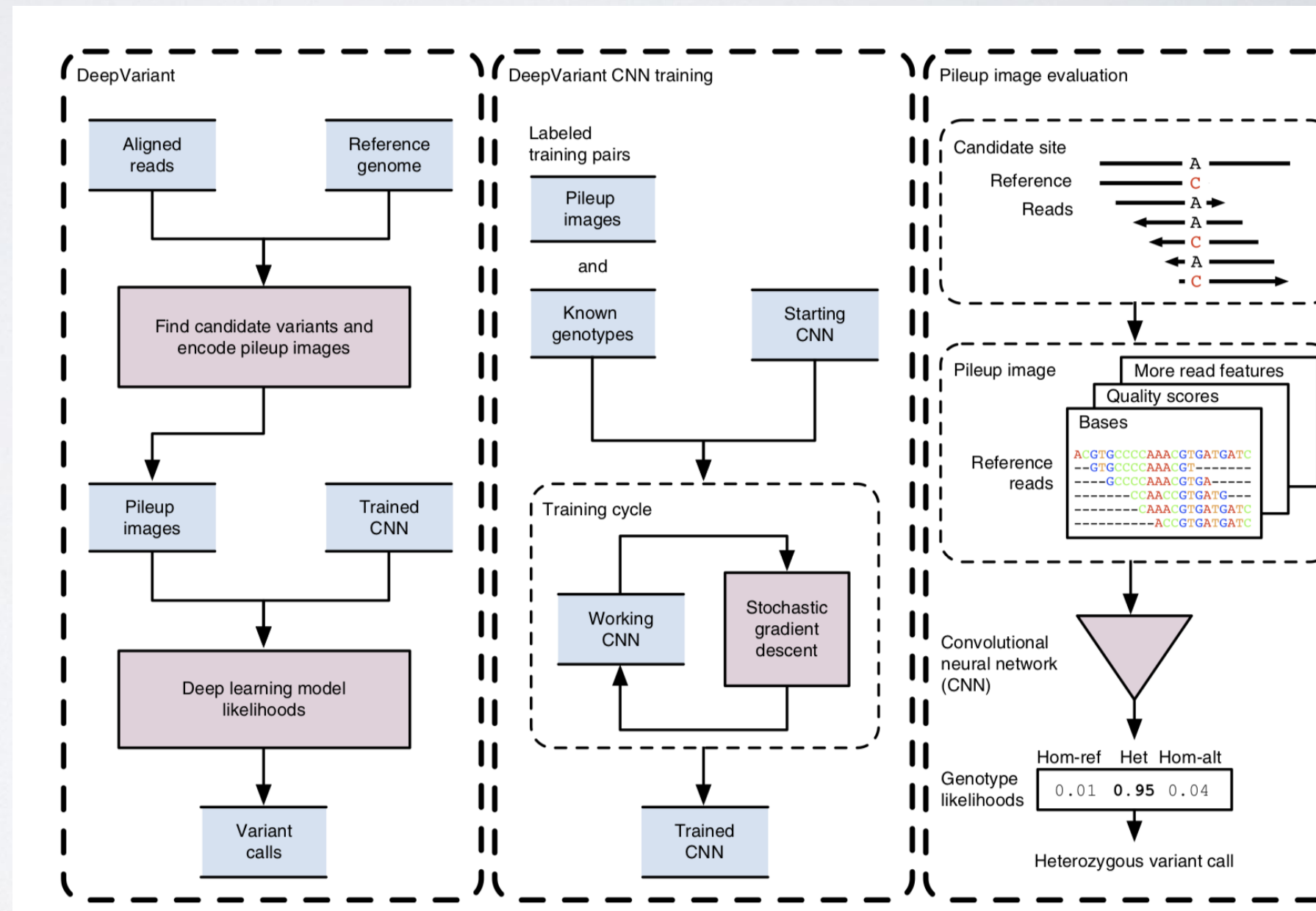
nature
biotechnology

LETTERS

A universal SNP and small-indel variant caller using deep neural networks

Ryan Poplin^{1,2}, Pi-Chuan Chang², David Alexander², Scott Schwartz², Thomas Colthurst², Alexander Ku², Dan Newburger¹, Jojo Dijamco¹, Nam Nguyen¹, Pegah T Afshar¹, Sam S Gross¹, Lizzie Dorfman^{1,2}, Cory Y McLean^{1,2} & Mark A DePristo^{1,2}

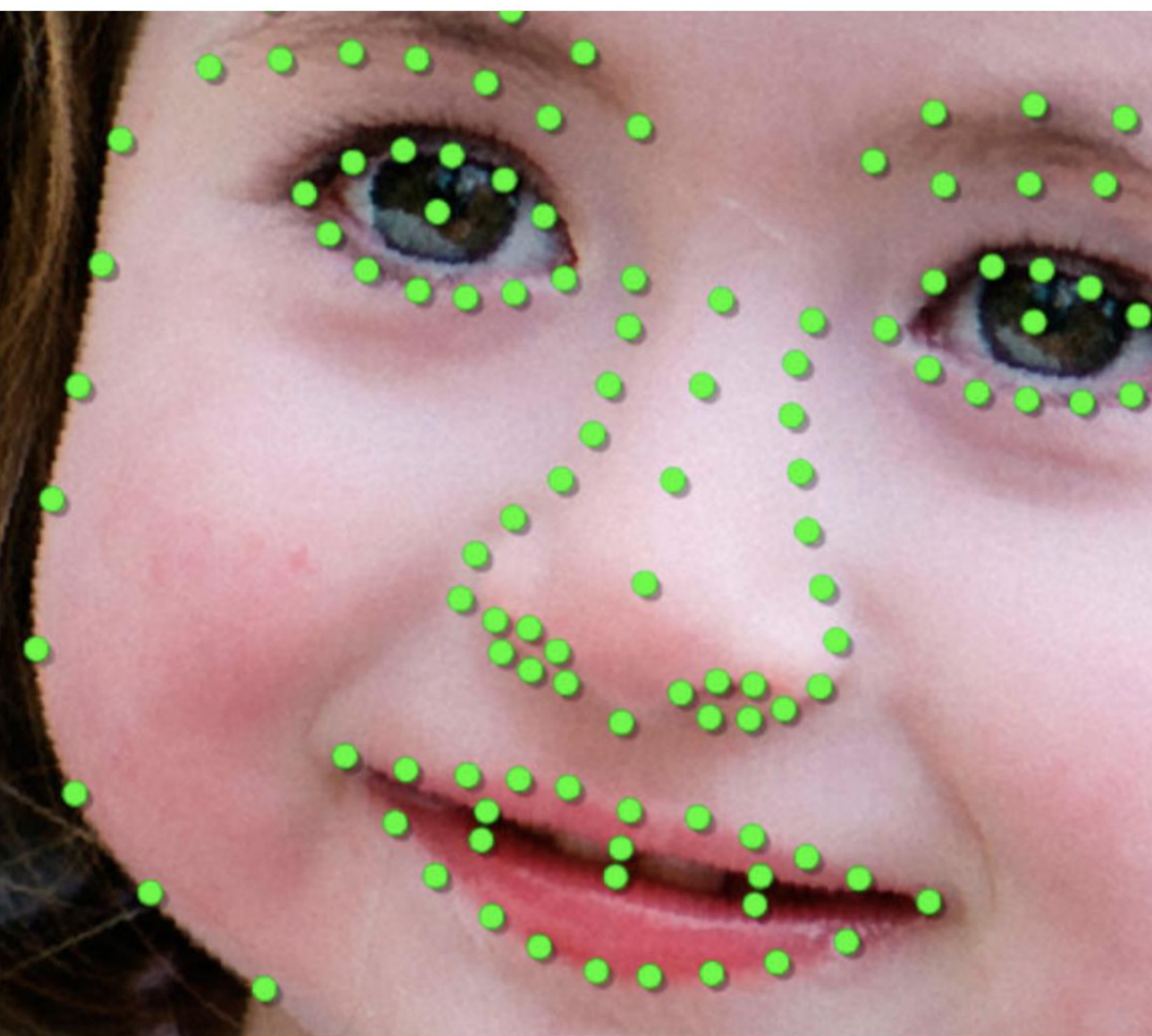
- Alignement des reads sur un génome de référence comme une image



Santé : cette IA peut détecter des maladies rares à partir de visages

Une avancée encore exceptionnelle pour l'intelligence artificielle. À partir d'une analyse poussée par ordinateur, la détection de maladies génétiques rares est désormais possible, et cela, avec une simple photo.

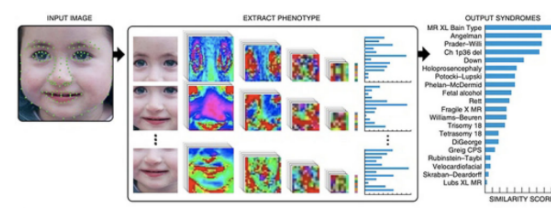
PAR DAPHNÉ VUILLET - 15 JANVIER 2019



Le système d'observation avancée s'appelle DeepGestalt, et s'occupe d'examiner précisément les traits du visages qui lui sont présentés. Ce système basé sur l'intelligence artificielle a été **élaboré par l'entreprise FDNA située à Boston**. À la suite d'une étude fondée sur 17 000 visages d'enfants avec plus de 2000 syndromes génétiques différents, l'outil a rendu des résultats excellents et a même détrôné la performance des médecins.

Une évolution incroyable pour les phénotypes faciaux

De nombreuses maladies génétiques sont responsables de transformation dans le phénotype facial des personnes atteintes. Cette modification laisse une trace presque invisible à l'oeil humain et perceptible uniquement par certains experts. Par exemple, pour le syndrome de Noonan, l'intelligence artificielle a réussi à **le détecter dans 64% des cas, les médecins eux, ont pu le trouver dans 20% des cas.**



4 Février 2021

NEWS



INTELLIGENCE ARTIFICIELLE : UNE IA EST MAINTENANT CAPABLE DE CRÉER DES GÉNOMES HUMAINS

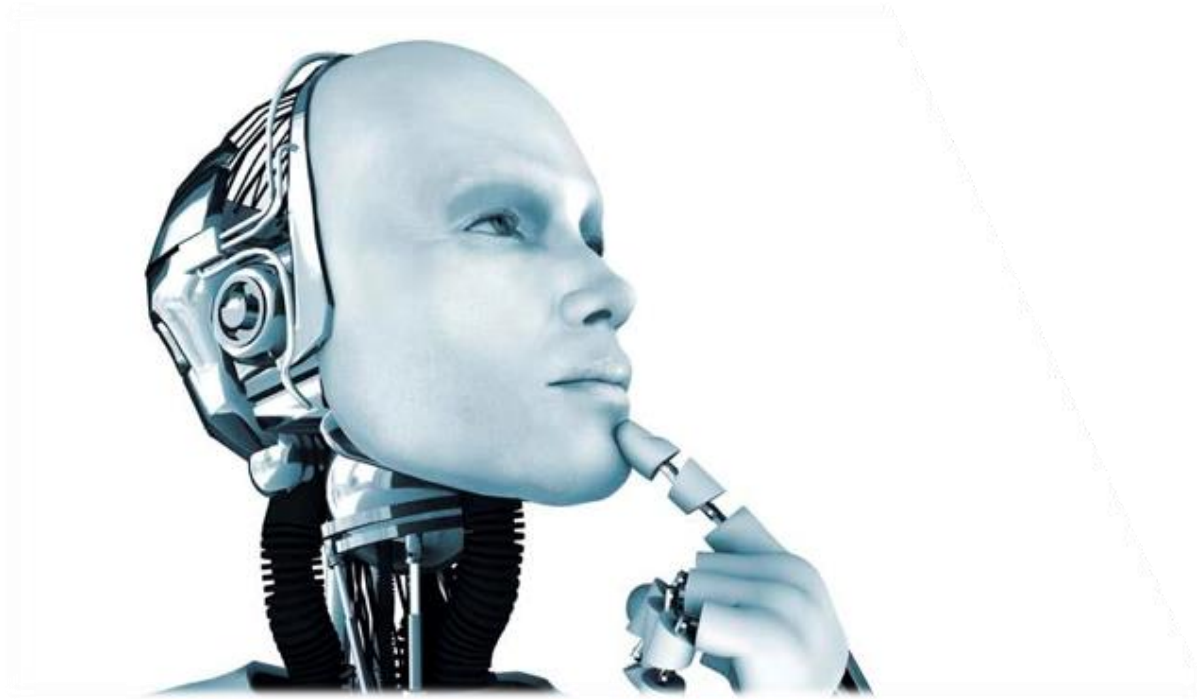
PLOS GENETICS

RESEARCH ARTICLE

Creating artificial human genomes using generative neural networks

Burak Yelmen^{1,2,3*}, Aurélien Decelle^{3,4}, Linda Ongaro^{1,2}, Davide Marnetto¹,
Corentin Tallec³, Francesco Montinaro^{1,5}, Cyril Furtlehner³, Luca Pagani^{1,6},
Flora Jay^{3*}

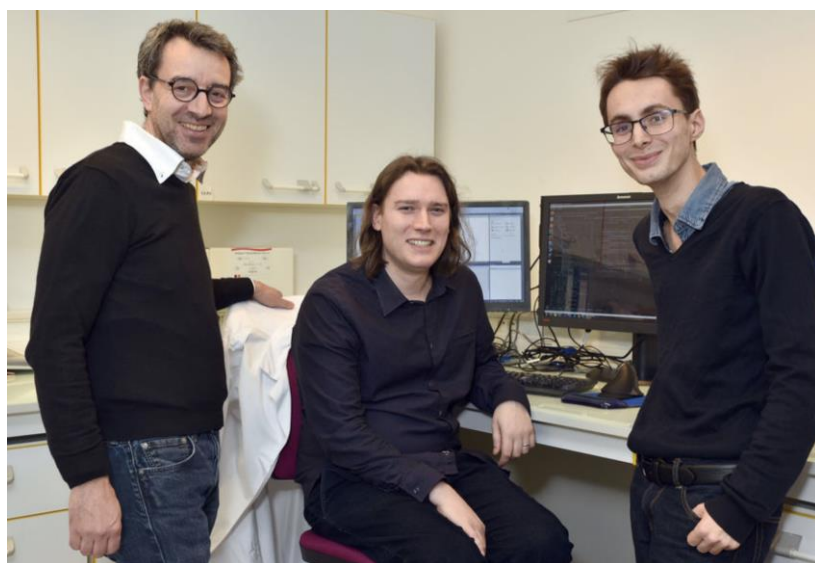
3) L'IA AU CHU DE DIJON



Pourquoi l'IA au CHU de Dijon?

« L'intelligence artificielle ne remplacera pas les médecins. Mais les médecins qui utiliseront l'IA remplaceront ceux qui ne le feront pas »

Comment? Une rencontre!!! Avec Davide (Profil atypique++)



Création du premier poste d'assistant spécialiste en I.A dans un CHU, (CPH avis favorable) depuis le 1er Novembre 2019 au CHU de Dijon.



Le Dr Davide Callegarin nommé en tant que médecin spécialiste en intelligence artificielle au...

Thomas Calvi - 8 janvier 2020

En lien avec le déploiement du Technopôle santé, porté par Dijon Métropole, le Dr Davide Callegarin a été nommé en tant que médecin spécialiste...

Côte-d'Or - Santé

BP Dijon : Davide Callegarin, l'homme derrière l'intelligence artificielle du CHU

L'IA, l'intelligence artificielle en médecine, ce n'est pas demain, mais aujourd'hui que ça se joue et le CHU prend de l'avance en bichonnant le Dr Callegarin. Récemment nommé médecin spécialiste en IA dans le laboratoire de Génétique chromosomique et moléculaire (GCM), il a un profil hors du commun.

Le CHU de Dijon a recruté un médecin spécialiste en intelligence artificielle

A la fois formé en biologie médicale, en bio-informatique et en informatique en école d'ingénieur, le profil atypique du docteur Davide Callegarin a conduit le CHU de Dijon à lui offrir un poste de médecin spécialiste en intelligence artificielle au sein de son laboratoire de génétique chromosomique et moléculaire. Cette nomination est une première en France.

Le CHU de Dijon a recruté un médecin spécialiste de l'intelligence artificielle

#Données #IA #Imagerie #People #SIH

07/02/2020 0 956

DIJON (TICsanté) - Le CHU de Dijon a nommé "pour la première fois en France" un médecin spécialiste en intelligence artificielle (IA), le Dr Davide Callegarin, au sein du laboratoire de génétique chromosomique et moléculaire (GCM) dirigé par le Pr Patrick Callier, a-t-on appris auprès des intéressés en janvier.

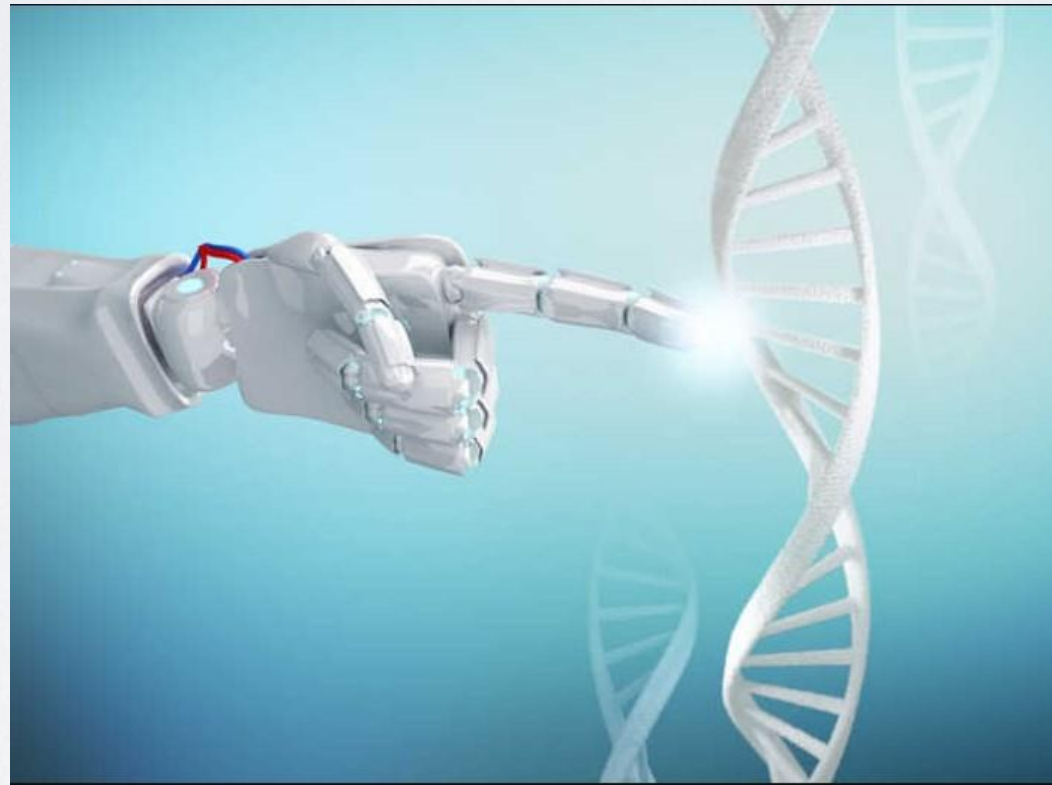


UF1853 DIAD Santé

- **UF spécifique à l'IA en Santé au CHU de Dijon (Dr Callegarin)**
 - **UF1853 DIAD (Développement de l'IA au CHU de DIJON) Santé**
- **Objectif : Aider les professionnels de santé du CHU de Dijon au développement d'outils à base d'IA pour leurs propres projets IA santé**



3-1) L'IA APPLIQUÉE A LA CYTOGÉNÉTIQUE



Une vraie-fausse nouveauté ?

Tâches de Cytogénétique et IA

Automatisation et Informatisation du Caryotype +-

- Détection des métaphases
- Identification des chromosomes
- Classification des chromosomes
- Détection des anomalies chromosomiques.

Précision du Diagnostic

Corrélation génotype-phénotype.

Stratification pronostique

+

+

+ -

-

-

-

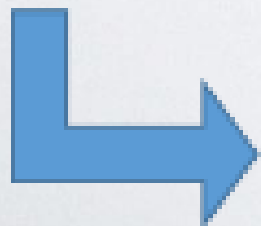
-

Réalisées de manière:

plus robuste,

plus reproductible

plus rapide



Systemes analytiques +++ (machine/deep learning)

AUTOMATISATION

AUTOMATIC CHROMOSOME ANALYSIS Denis Rutovitz

AUTOMATIC CHROMOSOME ANALYSIS

DENIS RUTOVITZ* Ph.D.

Medical Research Council
Clinical and Population Cytogenetics Research Unit
London

- 1 Nature of the information
- 2 Devices for retrieval of information
- 3 Finding metaphase spreads
- 4 Processing mitotic cells
 - a Field segmentation
 - b Recognition of individual components
 - c Determination of centromeric index
- 5 Analysis of chromosome measurements
- 6 Composite karyotypes
- References

The urge to create systems for automatic karyotyping stems from three different sources. The first, and perhaps the dominant one at present, is the research interest.

So slender is our knowledge of the distribution of genetic information in the human cell that, apart from the association of certain gross phenotypic abnormalities with equally gross karyotypic ones such as missing or extra chromosomes, or interchanges of large amounts of genetic material between or within chromosomes, we know only which chromosomes determine sex and sex-linked characteristics. Classification of chromosomes is based on morphology, but, with the exception of the points noted above and of some contributions from autoradiography, confirmation of the biological significance of the morphological groupings has not been obtained.

Progress depends in part on the location of individuals with an abnormal chromosome¹ which can serve as a "marker" so that one can try to trace associations with other inherited characteristics through several generations of relatives. To pursue this research one must find inherited structural chromosome abnormalities, which are estimated to occur in less than 0.5% of the population (Court-Brown, 1967); thus a large amount of material has to be examined in order to discover a relatively small number of interesting cases.

Another research goal is the determination of the effects of environment and ageing on the chromosome complement of somatic cells; for this purpose it is necessary to survey substantial population samples, examining large numbers of cells from each individual.

The second motive for the development of automatic systems is the need to deal expeditiously with the growing volume of clinical work that is resulting from an increasing

awareness of the relationship between an abnormal chromosome complement and certain types of mental subnormality, infertility and other clinical conditions.

The third motive for developing a means of high-speed automatic chromosome analysis is that it offers the possibility of biological monitoring of workers such as nuclear-power-station employees who are exposed to unusual environmental hazards. Although much remains to be clarified, there is good reason to believe that counting of breaks and dicentric is a surer index of damage than film-badge monitoring. The work entailed is formidable as, in low-dosage problems, one is concerned with trying to differentiate between, say, a 1% and a 2% dicentric incidence, which would require surveying over 600 cells per individual in order to achieve 5% confidence.

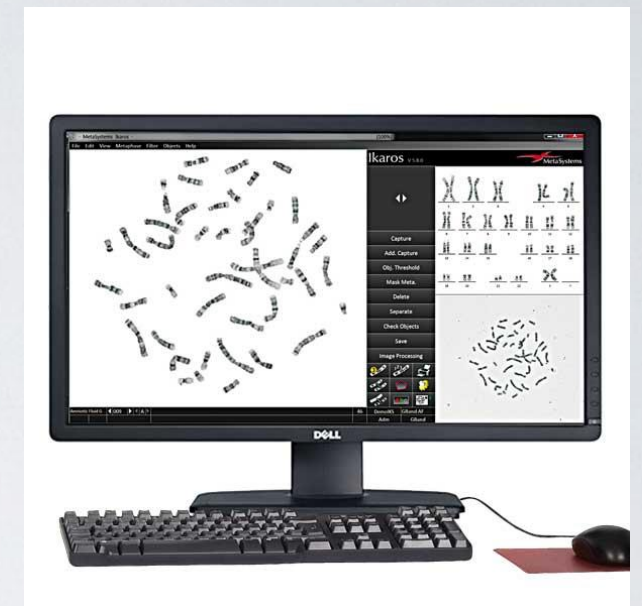
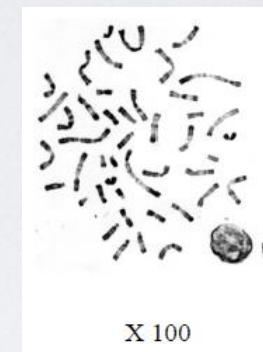
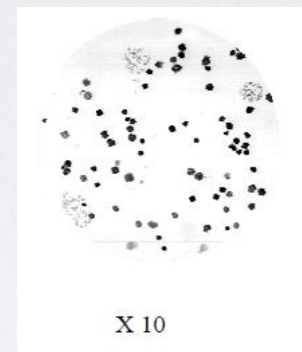
At best, a human operator can manage to examine around 50 cells per day, and as technicians capable of this output require a lengthy training and are increasingly difficult to find, it is clear that the possibilities for expansion of activity by conventional methods are limited. Nevertheless, the Medical Research Council's Clinical and Population Cytogenetics Research Unit in Edinburgh processes an average of about 1,000 cells per week for clinical and research purposes, and has on occasions carried out dosage estimates for the Atomic Energy Research Establishment, Harwell. To deal with the volume of work which will be needed if further progress is to be made in locating marker chromosomes, determining the distribution in the population of structural and other genotypic abnormalities, and age-specific and sex-specific karyotype variations, it has been estimated that this figure should be increased to the order of 10,000 cells weekly. It would then be possible, for example, amongst other things, to examine routinely chromosomes of all newborn infants in the Edinburgh area. Once the technique is properly established, there should be no difficulty in setting up parallel installations at other centres (and of course similar undertakings are in hand elsewhere—for example, a member of the Canadian radiation protection service has proposed the development of means for carrying out the chromosome analysis of the entire population of Canada).

A further consideration is that automatic methods necessarily proceed by measurement, and systematic measurement may reveal far more subtle information than can be discovered by the qualitative judgements of the human operator. However, there is the difficulty that before measurements can be made, shapes have to be identified; thus before the superior measuring capacity of a machine can be deployed, it has to come near to matching the performance of the most subtle of all instruments for the recognition of form in an optical pattern—namely, the human eye and brain.

1. Nature of the Information

Optical properties of metaphase preparations which have been considered for quantitative work include the ultra-violet absorption characteristics of unstained specimens and their luminescence when stained with various fluorescent dyes; phase differences; and, most commonly, the absorption of specimens stained with dyes such as orcein and Feulgen.

Whatever the method of specimen preparation or microscopy employed, there is still a choice between attempting to take measurements direct from the slide, or via a photographic transparency or print. The first investigators in the



Logiciel d'analyse du Caryotype



Chercheur de métaphase

* With the collaboration of Mr A. S. J. Farrow, Dr D. Green, Miss C. Judith Hilditch, Mr K. A. Paton and Mr B. Stein of the Clinical and Population Cytogenetics Research Unit of the Medical Research Council, Dr Patricia A. Jacobs has guided the work from the biological side and in particular has achieved the remarkably high standard of metaphase spread preparation upon which our own work in this field is founded.

¹ See Ford, *Br. med. Bull.* 1961, 17, 179.—Ed.

INFORMATISATION

- Logiciel de classification des chromosomes (encore beaucoup d'erreurs)

1. Pré-traitement : Améliorer la qualité des images
2. Segmentation: Séparer les chromosomes
3. Extraction: A partir des caractéristiques structurelles (longueur, ratio centromérique...)
4. Classement

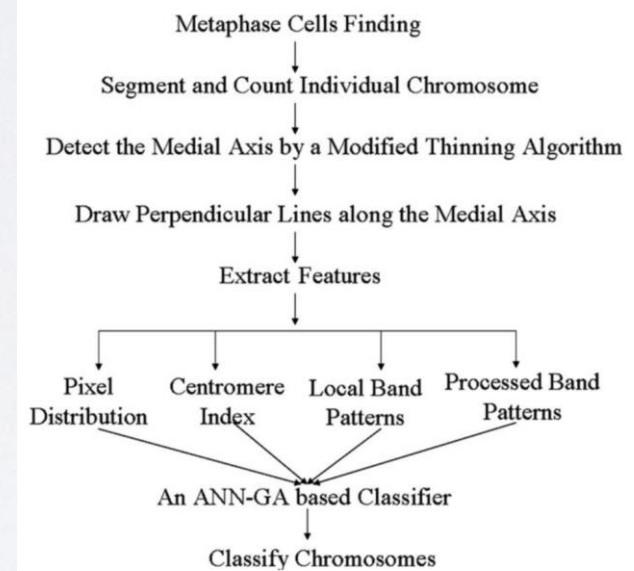
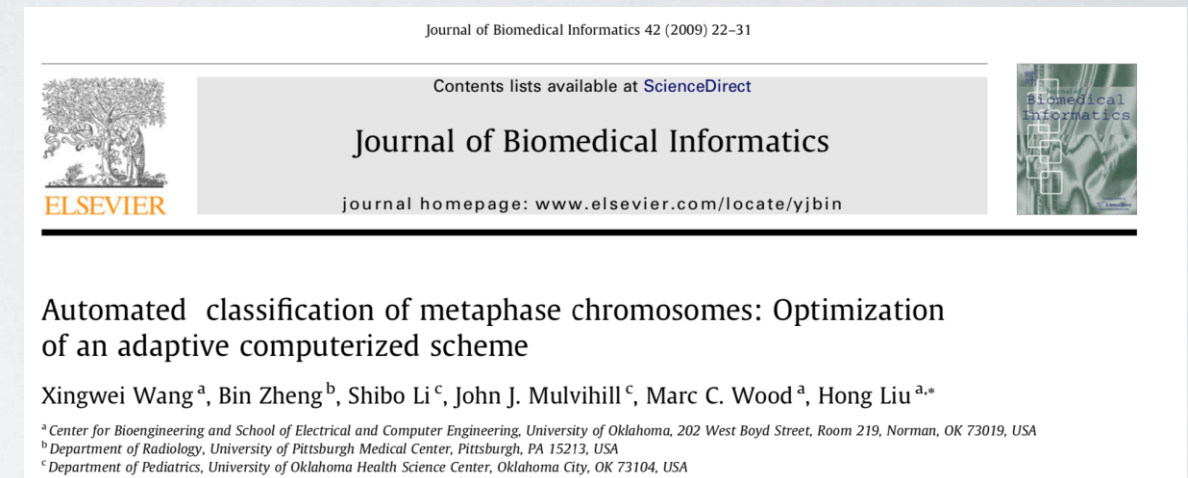
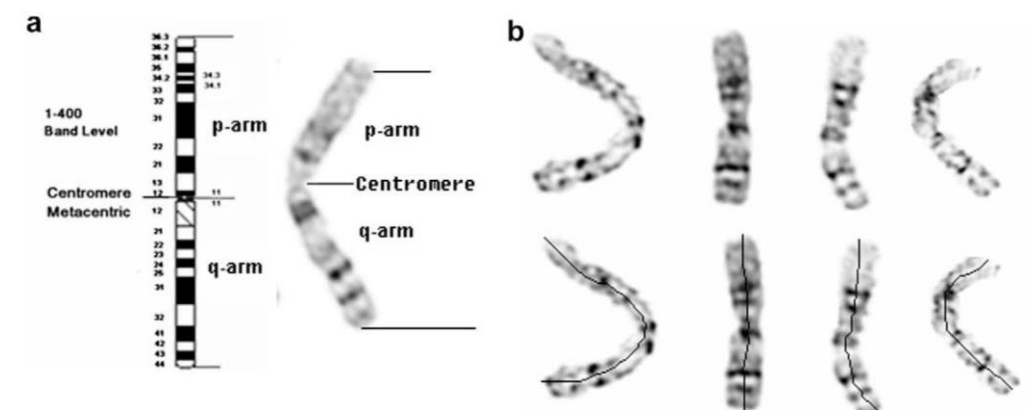


Fig. 2. A flow diagram of automated classification of chromosomes.



IA en cytogénétique au CHU de Dijon

- Objectifs: Utilisation de l'IA pour la classification automatique de caryotypes
- Matériels et méthodes:
 - Base de données: images de caryotypes en bandes R et G du laboratoire de 2006-2018 :**1.2 millions**
 - Réseaux neuronaux dédiés au classement automatique de chromosomes (Metasystem DNN)

RÉACTION DES TECHNICIENS

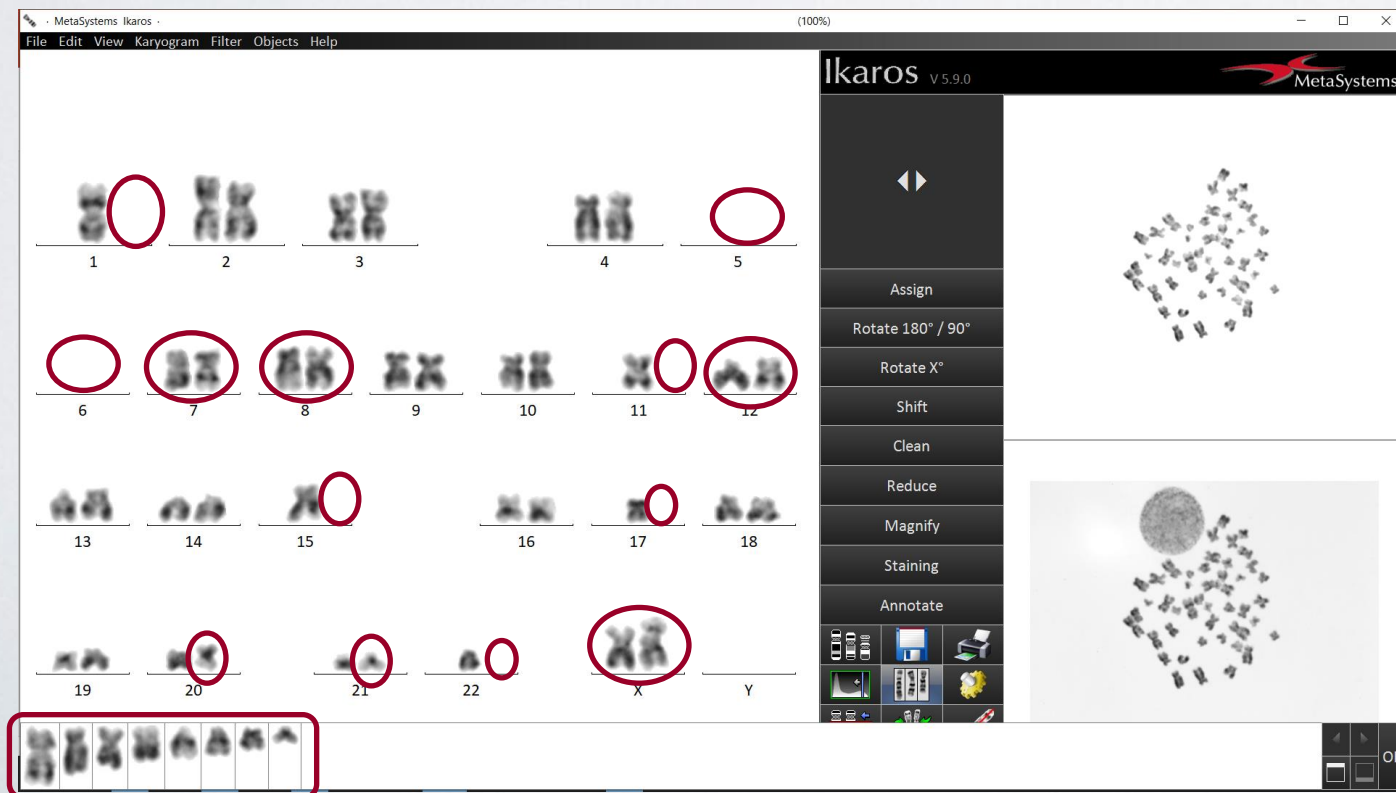
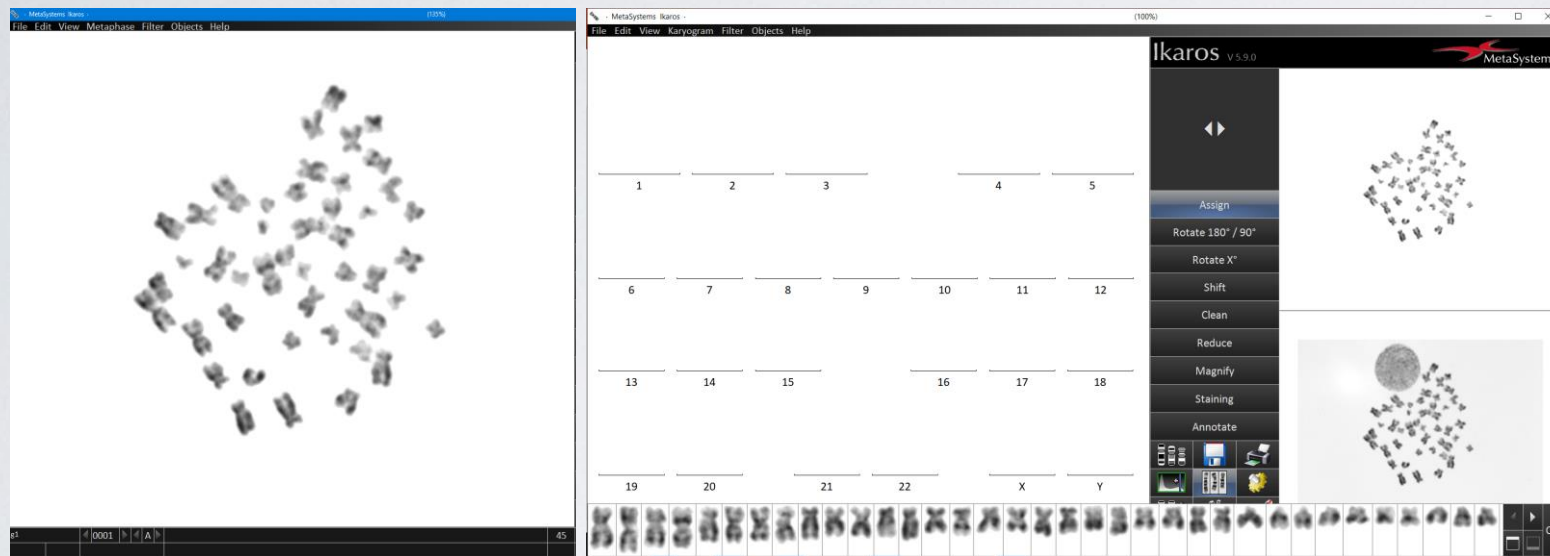
On va être au
chômage ?

ON va devenir quoi?

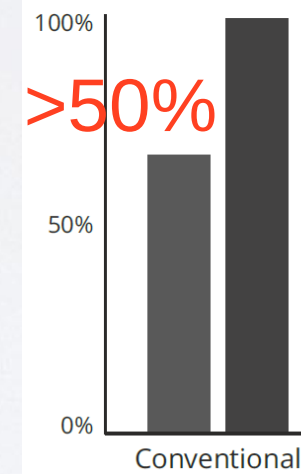
ON va faire quoi
maintenant?



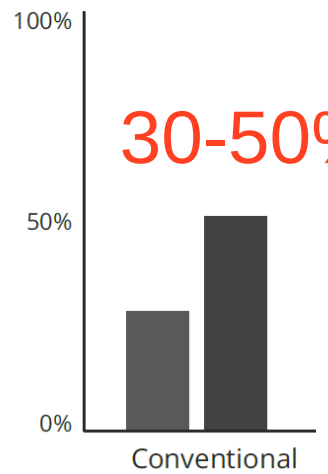
Avant : Caryotype au CHU de Dijon



Bone Marrow Classification Errors

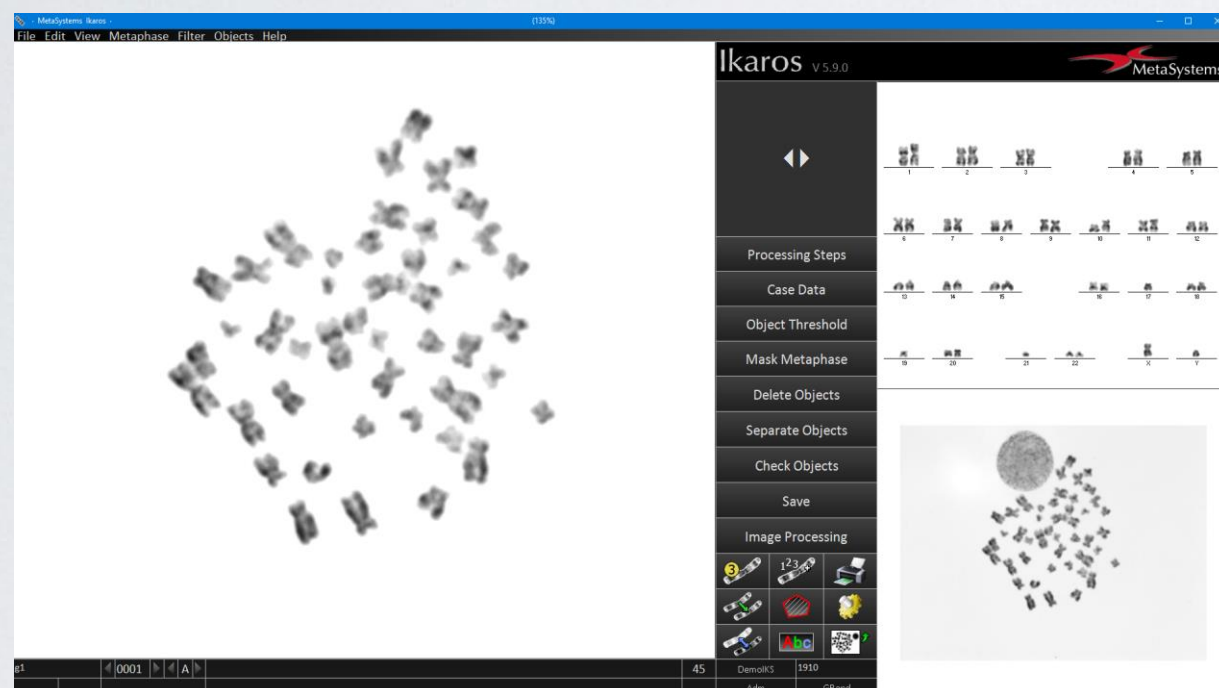


Lymphocytes Classification Errors



-  % erreurs par métaphases
-  % avec plus de 10 erreurs

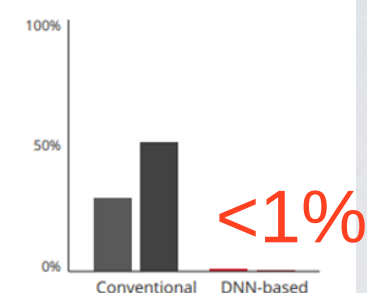
Après I.A : Caryotype au CHU de dijon



BLOOD

	ICC-Old	ICC-DNN
Percentage of Errors	28.7%	0.8%
N Class Corrections per Cell	13.2	0.3
Percentage of Cells with ≤ 10 Errors	48.7%	99.4%
N Angle Corrections per Cell (> 7.5°)	8.8	1.5
N Total Corrections per Cell	22.0	1.8

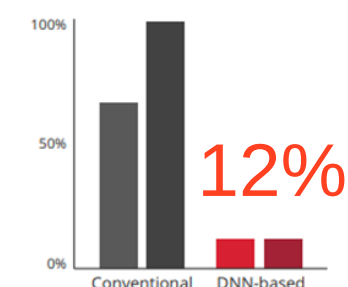
Lymphocytes Classification Errors



BONE MARROW

	ICC-Old	ICC-DNN
Percentage of Errors	66.6%	12.0%
N Class Corrections per Cell	30.6	5.5
Percentage of Cells with ≤ 10 Errors	0.1%	88.4%
N Angle Corrections per Cell (> 7.5°)	22.1	11.0
N Total Corrections per Cell	52.7	16.5

Bone Marrow Classification Errors



Classifier	ClassifErrors	AngleError > 7.5°
GB-BL-0001	0.75%	3.3%
GB-BM-0002	11.97%	24.0%
GB-BL-0003	0.69%	3.0%
RB-AF+BL-0004	1.28%	4.7%
RB-BM-0005	5.48%	11.5%
GB-BM-0006	4.93%	11.4%
RB-AF+BL-0007	3.94%	6.0%
GB-AF+BL-0008	2.90%	6.2%
FR-BM-0009	0.52%	9.9%

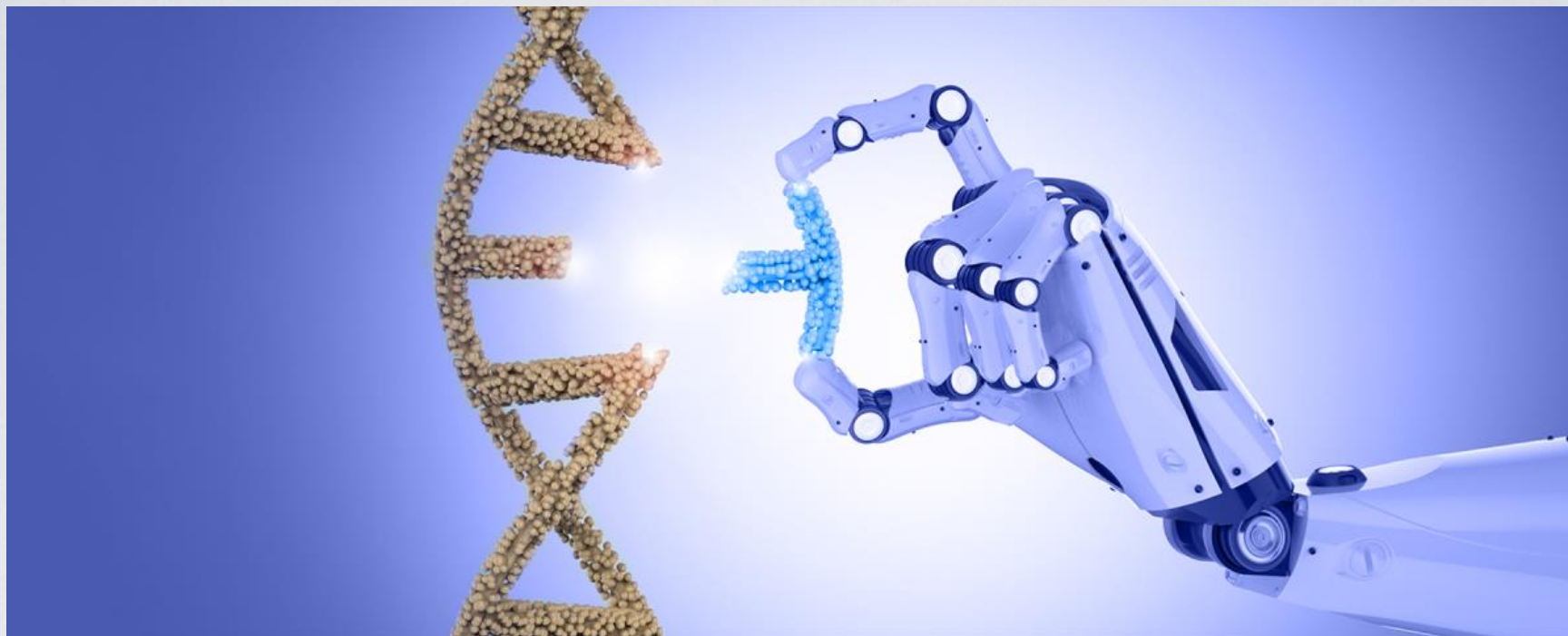
-  % erreurs par métaphases
-  % avec plus de 10 erreurs
-  Après I.A % erreurs par métaphases
-  Après I.A % avec plus de 10 erreurs

RÉACTIONS APRÈS L'IA

Super l'IA pour les patients

Super l'IA on gagne du temps !!!!!





3-2) L'IA APPLIQUÉE A LA CYTOGENOMIQUE

LOGICIEL D'ANALYSE GÉNOMIQUE (LAG)

Dr Callegarin Davide

LAG

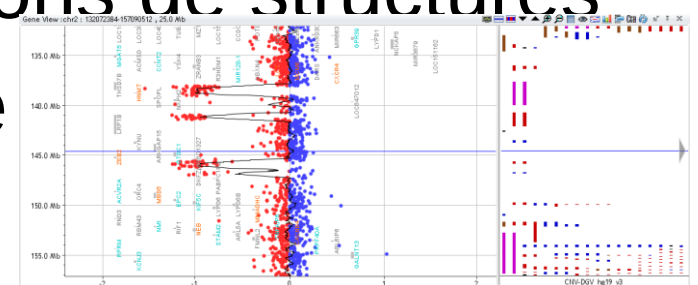
LOGICIEL D'ANALYSE GÉNOMIQUE

CONTEXTE GENERAL

- Plan « France médecine génomique 2025 » avec deux plateformes de hauts-débits : SEQOIA et AURAGEN
- Séquençage de 18000 génomes (WGS)/an (cancers et maladies rares)
 - Génération de données massives
 - La capacité d'analyse et d'interprétation de ces données est un facteur clé de la réussite de l'intégration de la génomique dans le système de soins de santé.
- Séquençage (WGS) permet à l'aide de nouveaux algorithmes la détection des anomalies chromosomiques ou variations de structures (SVs) équilibrées ou déséquilibrées: Cytogéno



11



LAG

LOGICIEL D'ANALYSE GÉNOMIQUE



- Objectif



- Développement d'une pipeline pour l'analyse des anomalies chromosomiques ou variations de structures (SVs) à base d'Intelligence Artificielle
- A partir de données issues du Whole Genome Sequencing (ShortRead) pour les maladies rares

LES AVANTAGES DE NOTRE SOLUTION

- Intégration de l'I.A pour **diminuer le temps d'analyse pour les biologistes** (plus de fichier excel)
- **Scalabilité** virtuellement infinie sur la plateforme cloud Azure de Microsoft soit en termes de stockage soit en termes d'exécution des analyses en parallèle
- **Ne demande pas de compétences bio-informatiques**
- **Solution disponible sur tablette** , androïdeaccès sécurisé des données et de la datas (HDS)

Formations I.A santé à DIJON

Contexte

- ❑ L'IA est au cœur de la médecine du futur, avec le développement de l'aide au diagnostic et à la décision, les opérations assistées, le suivi des patients à distance, les prothèses intelligentes, les traitements personnalisés grâce au recoupement d'un nombre croissant de données (*big data*), etc.
- ❑ Parmi les obstacles ralentissant l'adoption de l'IA:
 - la crainte du remplacement du médecin par la technologie
 - l'absence ou l'insuffisance de formation des professionnels de santé dans le domaine de l'IA
 - le manque de formation à la pratique interdisciplinaire

1 La médecine du futur est déjà là...

MÉDECINS
ET PATIENTS DANS
LE MONDE DES DATA,
DES ALGORITHMES
ET DE L'INTELLIGENCE
ARTIFICIELLE

Analyses et recommandations
du Cnom

Mais elle n'est pas encore largement partagée²... Les premiers algorithmes informatisés d'aide au diagnostic sont validés, les chirurgiens pilotent des robots, tandis que leurs confrères anesthésistes testent l'impact de la réalité virtuelle sur l'anxiété des patients...

**Formations
IA et E-santé
DIJON**

Master 1

2023

Bachelor

2022

e-Santé

Master 2

2021

UE optionnelle

DU IA Santé

2020

Formations I.A santé à DIJON

Intelligence Artificielle et Santé

Avec le soutien de : **DIJON métropole**

Imagerie, Rééducation, Parcours de soins, Développement de médicaments...

Renseignements et inscription en ligne : selca-umdpcs.u-bourgogne.fr

DIPLOME UNIVERSITAIRE

UB UNIVERSITÉ DE BOURGOGNE UFR SCIENCES DE SANTÉ DIJON Umdpc Santé

BFCare Cesi el.cesi CHU Dijon Bourgogne CIIAD ImViA

- DU I.A Santé (depuis octobre 2020)
 - Inscriptions ouvertes (<https://bit.ly/2UEHalC>)
 - Public: professionnels de santé, enseignants-chercheurs des Sciences de santé, cadre et ingénieurs des industries du numérique et de la santé, étudiants doctorants et pos doctorants de ces spécialités. Personnel paramédical...

Formation : 106 hrs d'enseignement sur une année universitaire

Contenu : 8 modules

- 1-Introduction à l'IA Santé: Enjeux, freins, IA et applications Santé (13h)
- 2- Analyse de données médicales et I.A (14h)
- 3- IoT/objets connectés et applications (12h)
- 4- Imagerie Médicale et I.A. (11h)
- 5- Robotisation (12h)
- 6- Médecine de demain : Metavers, Dtx (16h)
- 7- Aspects organisationnels, réglementaires économiques et éthiques (14h)
- 8-Temps de synthèse et perspectives, Evaluation (14h) Datathon

- UE optionnelle « Applications de l'intelligence artificielle en santé (depuis janvier 2021)
 - Pour les étudiants de médecine/pharmacie..

Formation e-santé au niveau national



Qui sommes-nous ? Adhérer Enseignements Labellisation de solutions Mentorat Méthodologie & Review Actualités Partenaires

Enseignements

Vice-Président de l'INES à l'enseignement

L'INES propose à ses adhérents un accès à 3 plateformes **DIPLÔMANTES** de cours en e-santé et d'un accès aux cours à la carte via la contribution de 50 enseignants et experts.

Les plateformes de cours seront à disposition des écoles et universités qui veulent les proposer à leurs étudiants pour leur formation initiale, l'INES ne faisant pas de formation initiale.

<https://ines-france.fr>

DISPOSITIFS D'ANIMATION

Forum IA-Santé



santenov



Datathon IA-Santé

Le 1^{er} Datathon IA Santé dédié à la lutte contre le covid-19



Dans le cadre du DATA CARE-COVID-19, le 1^{er} Datathon IA Santé 100 % Online s'est tenu du 17 au 19 avril 2020 avec le soutien de Dijon Métropole dans le cadre du Technopôle Santé. A cette occasion, une cinquantaine de participants scientifiques, professionnels ont collaboré pour proposer des solutions innovantes d'Intelligence Artificielle et d'imagerie médicale pour la lutte contre la pandémie de la covid-19.

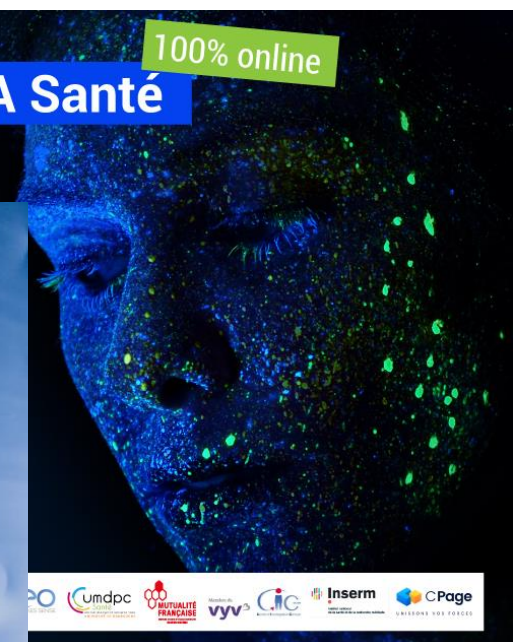
Ces trois défis ont été relevés avec succès et des équipes pluridisciplinaires et multilingues ; partager l'accès de ces technologies à distance.

3^{ème} DATATHON
DATA CARE IA Santé
du 08 au 10 Avril 2022



2^{ème} DATATHON DATA CARE IA Santé
du 09 au 11 Avril 2021

100% online



Futur de la Génomique

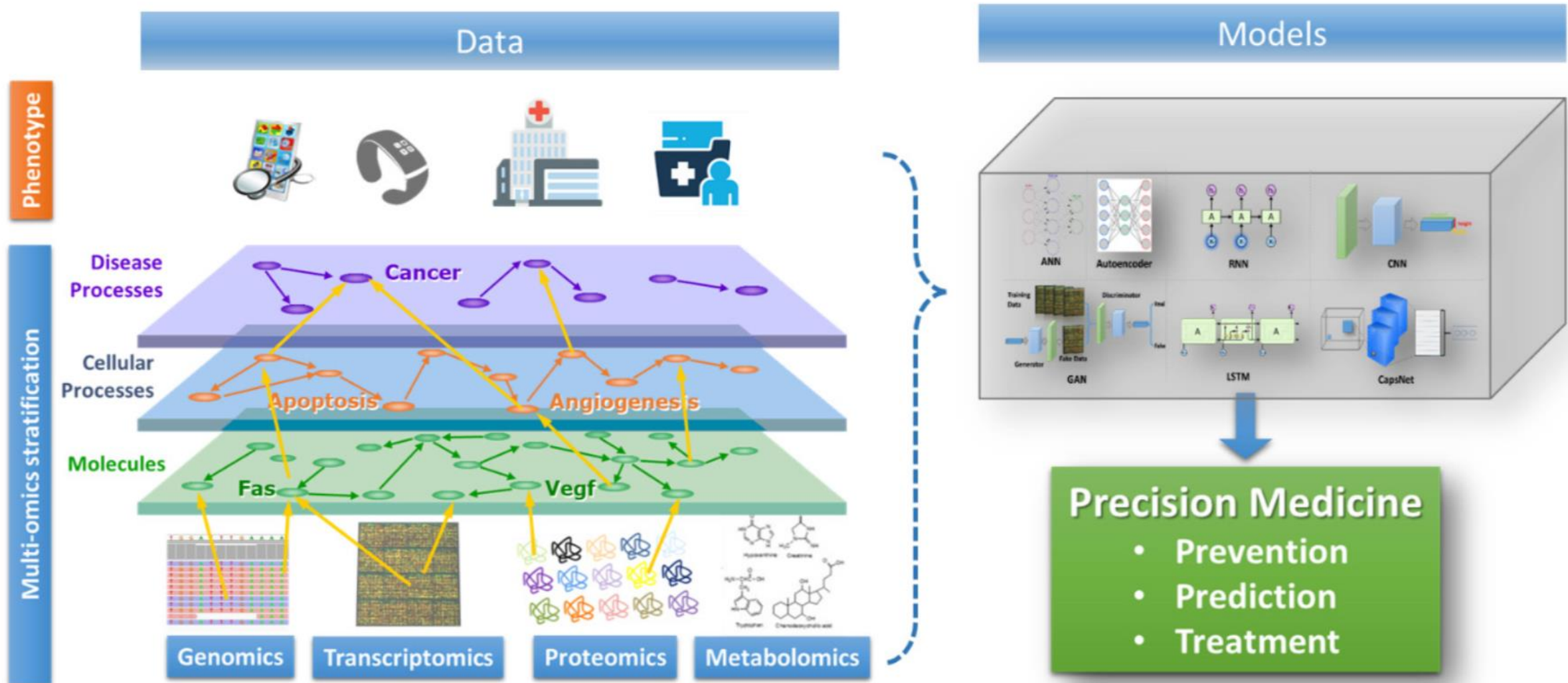
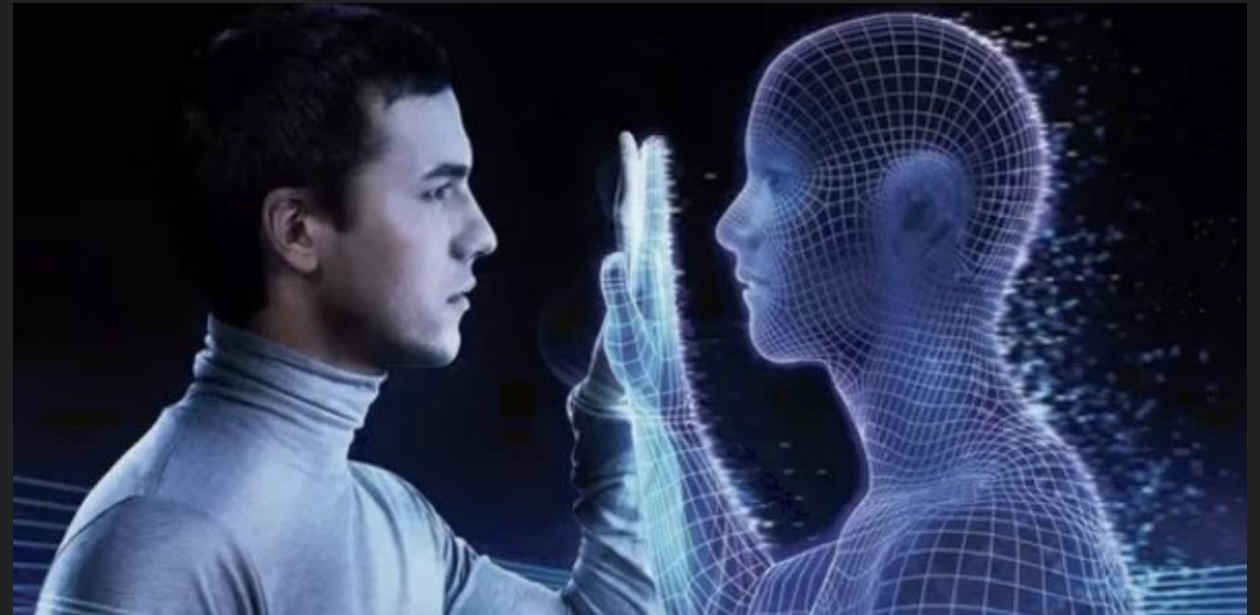


Fig. 2. Multi level and multi scale -omics models.

L'AVENIR

- Jumeau numérique
- Metavers
- Thérapie digitale ou DTx



QUI SUIS-JE ???





COLLOQUE
ATC

ASSOCIATION DES TECHNICIENS
EN CYTOGÉNÉTIQUE

29 & 30
SEPTEMBRE
2022

Centre de Rencontres
Internationales et de Séjour
DIJON



Biologistes
Techniciens
du laboratoire

Nafiz
Abdoul Carime

Davide
Callegarin

Patrick
Callier

Serge
Aho

Tristan
Moro

Equipe IA - santé

Dorine
Maillet

CHU
Centre Hospitalier Universitaire
Dijon Bourgogne



www.techniciens-cytogenetique.com

