



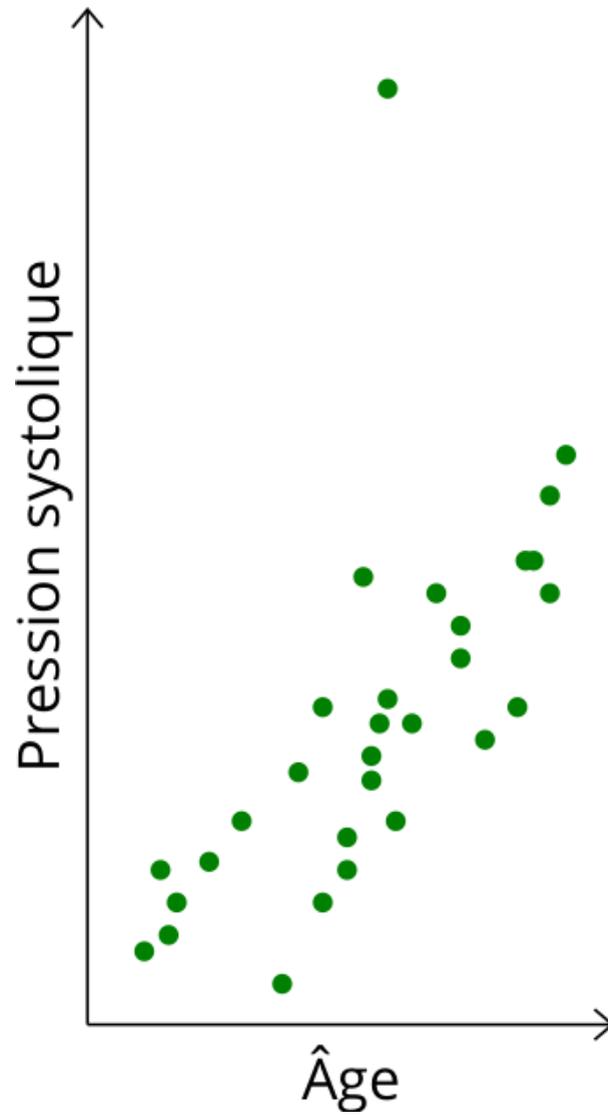
# Intelligence artificielle: Quand les algorithmes rencontrent la science

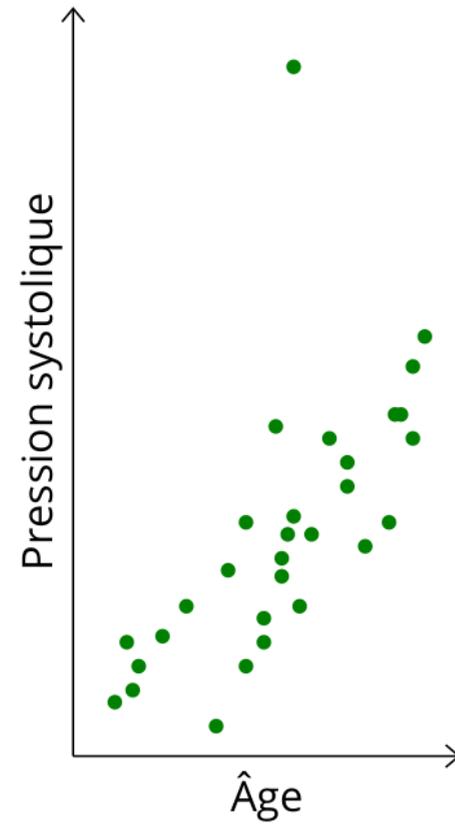
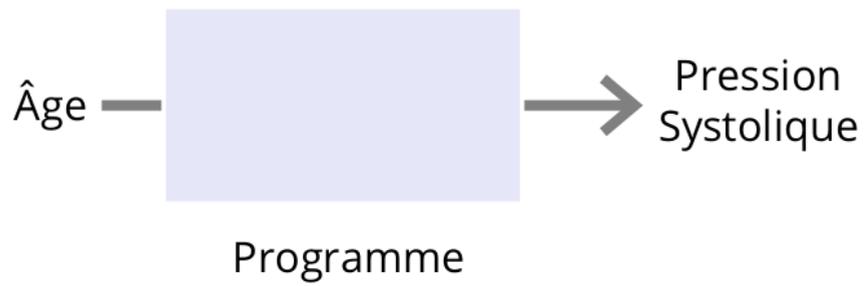
Maison de la Laïcité, Waremme  
27 février, 2024

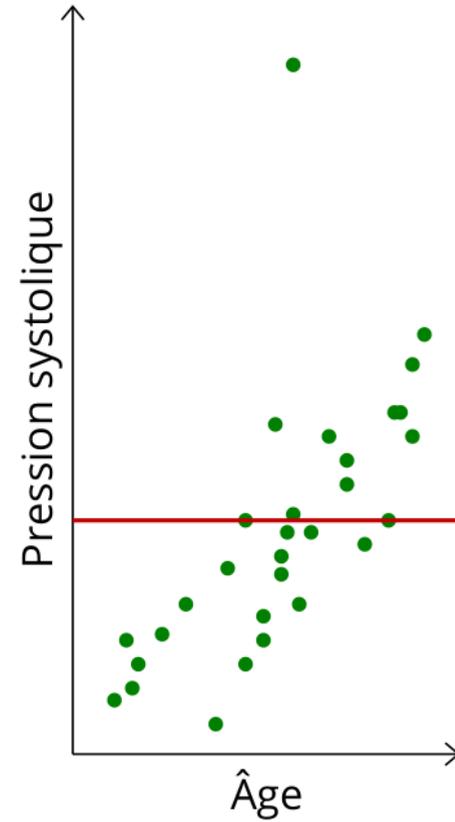
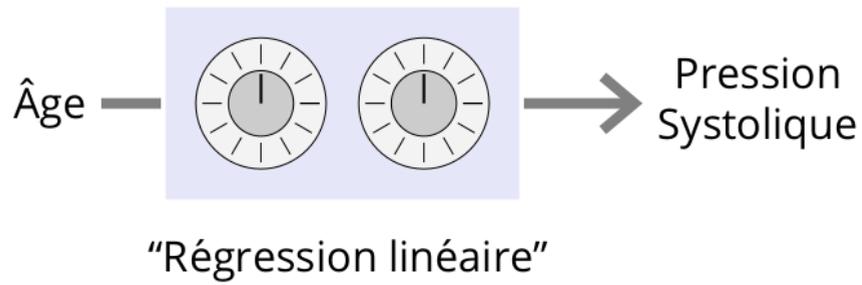
Prof. Gilles Louppe  
[g.louppe@uliege.be](mailto:g.louppe@uliege.be)

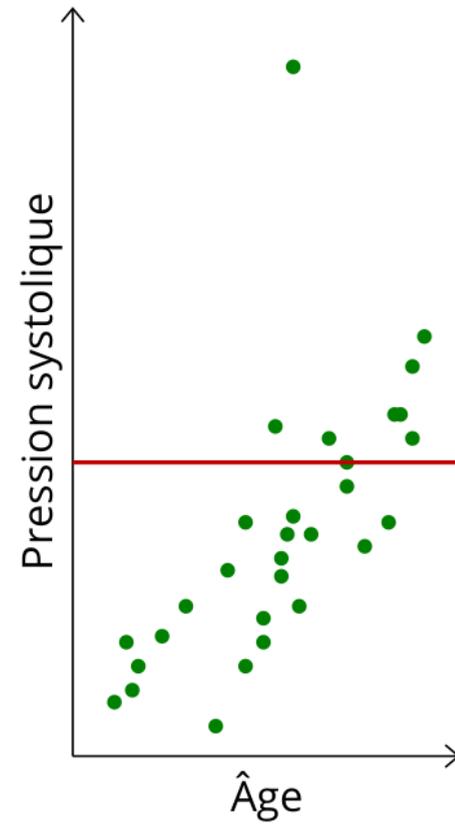
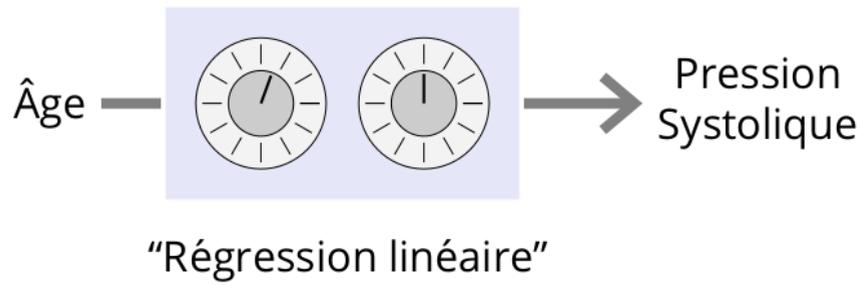
## Une intelligence artificielle peut-elle...

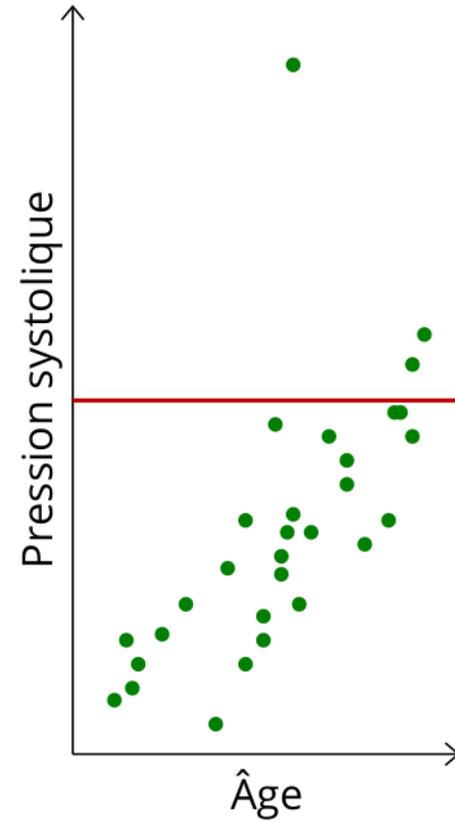
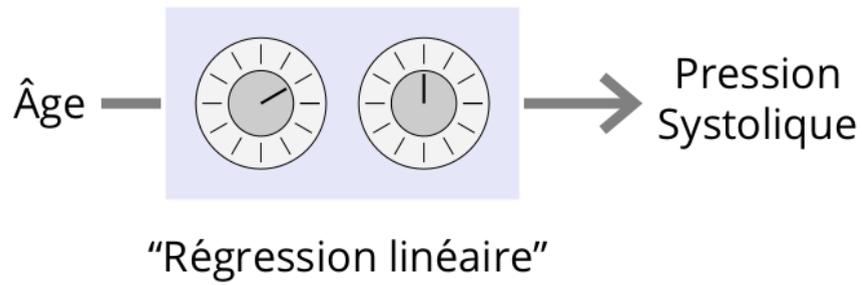
- Traduire le chinois parlé en anglais parlé, en temps réel?
- Répondre à des questions à choix multiples aussi bien qu'un élève de primaire?
- Résoudre des problèmes mathématiques universitaires?
- Prouver des théorèmes mathématiques?
- Converser avec une personne pendant une heure?
- Jouer correctement aux échecs? Au Go? Au poker? Au football?
- Conduire une voiture sur un parking? À San Francisco? à Liège?
- Écrire du code informatique?
- Raconter une histoire drôle?
- Peindre comme Van Gogh? Composer de la musique?
- Faire preuve de bon sens?

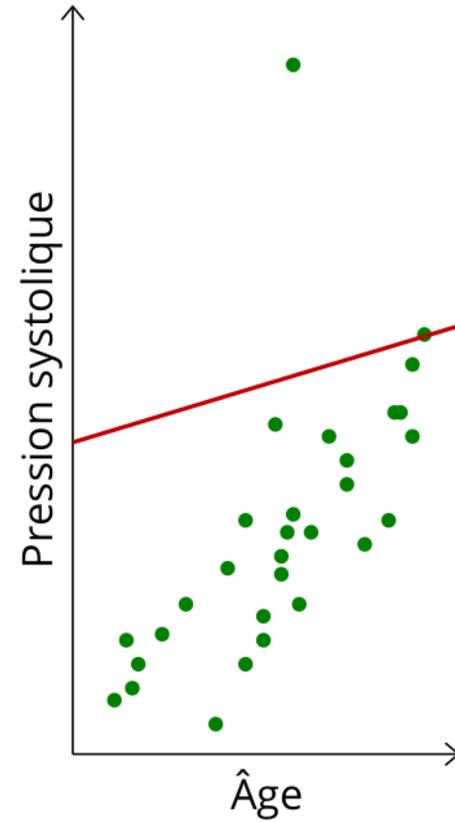
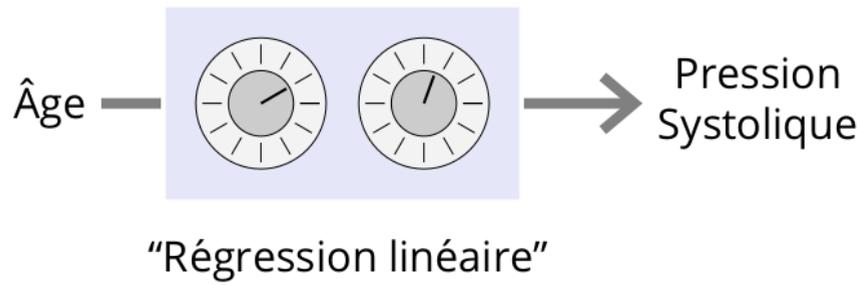


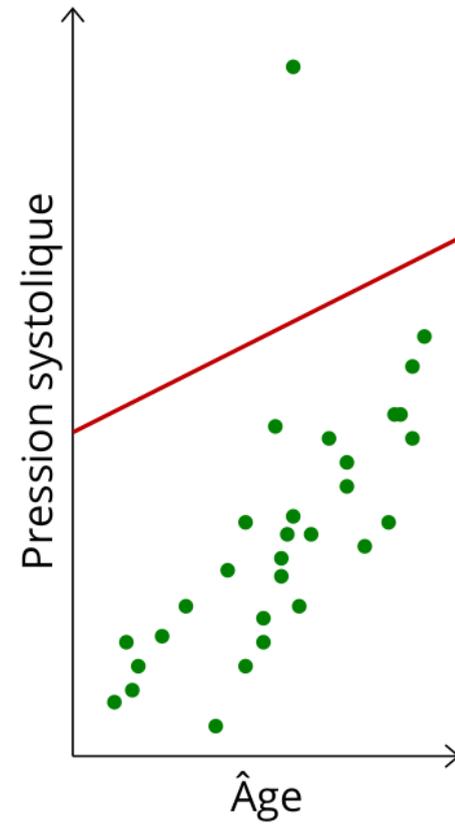
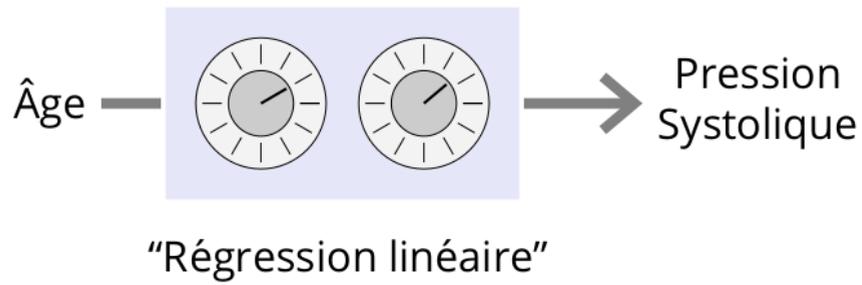


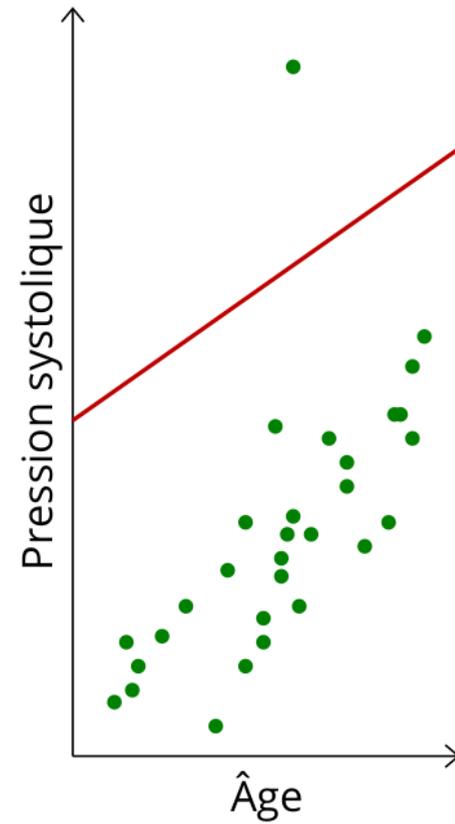
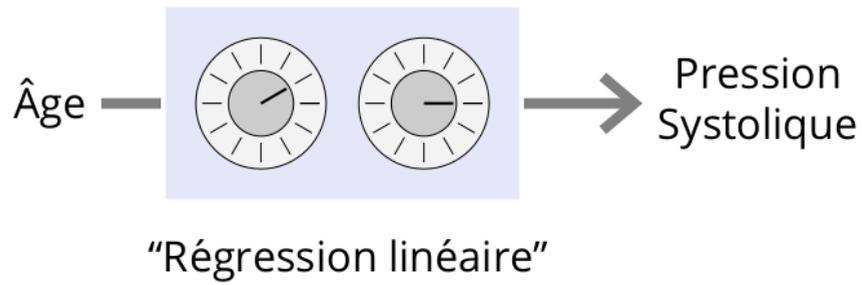


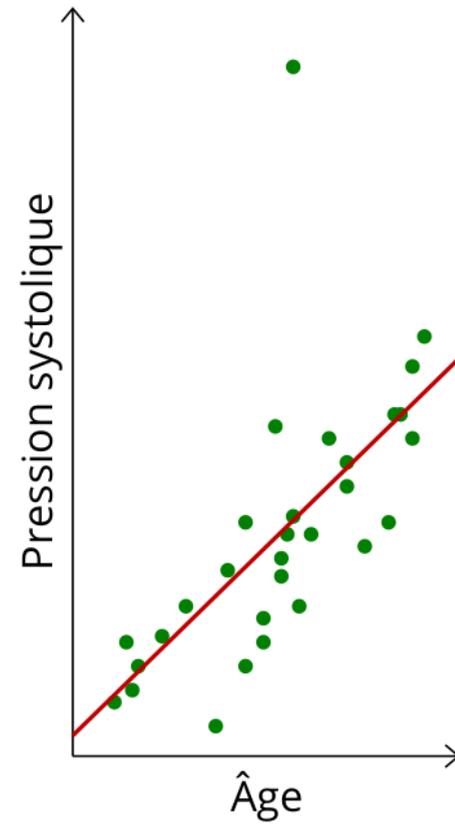
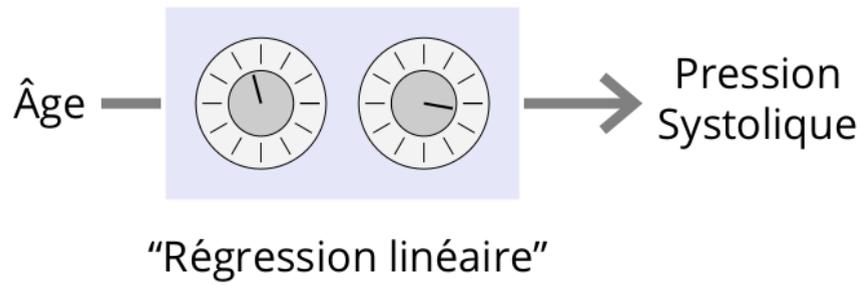








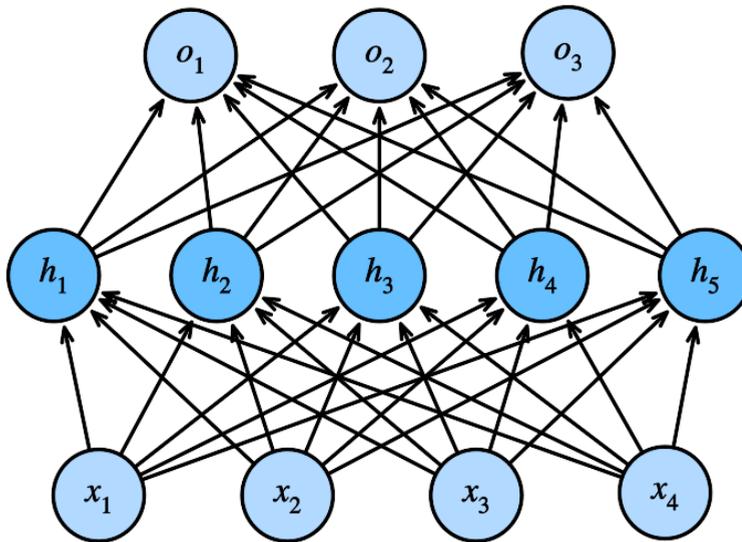




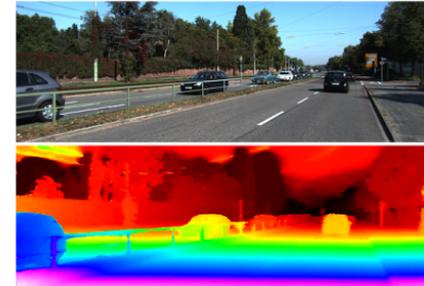
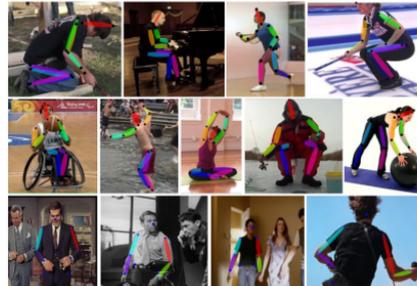
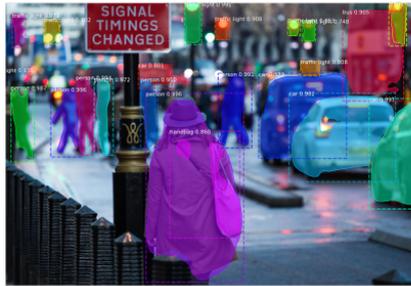
# Deep Learning

Le deep learning se base sur le même principe, mais en

- utilisant des modèles plus grands appelés réseaux de neurones,
- s'entraînant sur des ensembles de données plus grands,
- utilisant plus de ressources de calcul.



Des **réseaux des neurones spécialisés** peuvent être entraînés pour atteindre des performances supérieures à celles de l'homme sur des tâches complexes.

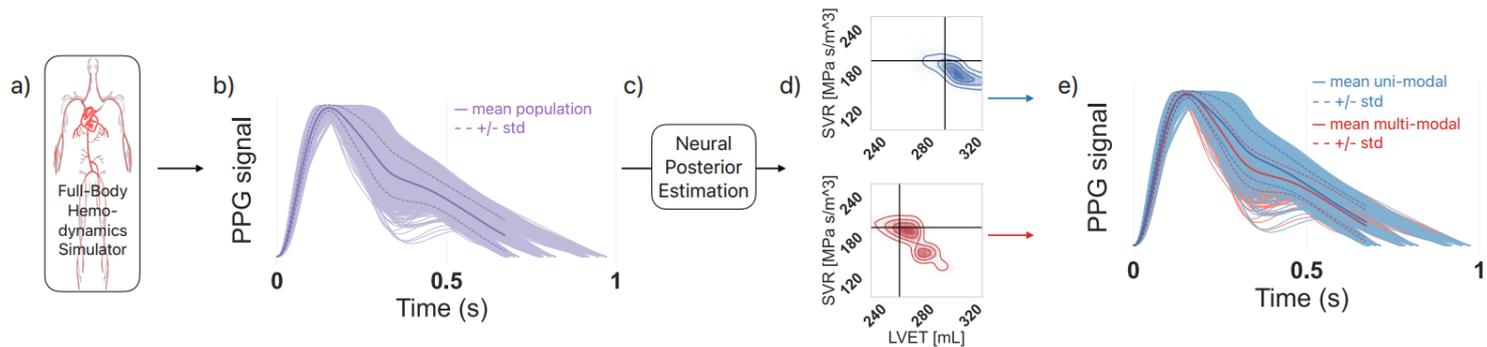
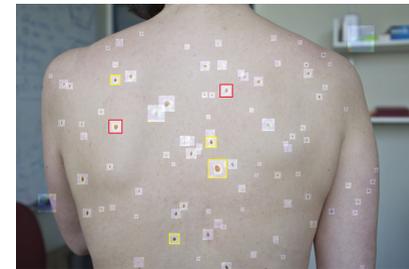
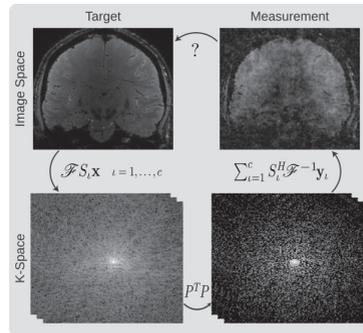
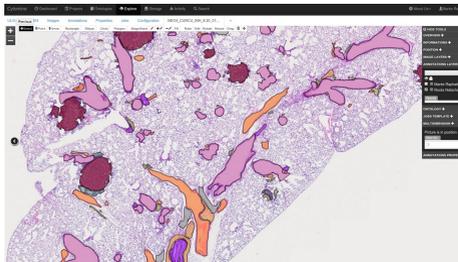


I: Jane went to the hallway.  
I: Mary walked to the bathroom.  
I: Sandra went to the garden.  
I: Daniel went back to the garden.  
I: Sandra took the milk there.  
Q: Where is the milk?  
A: garden

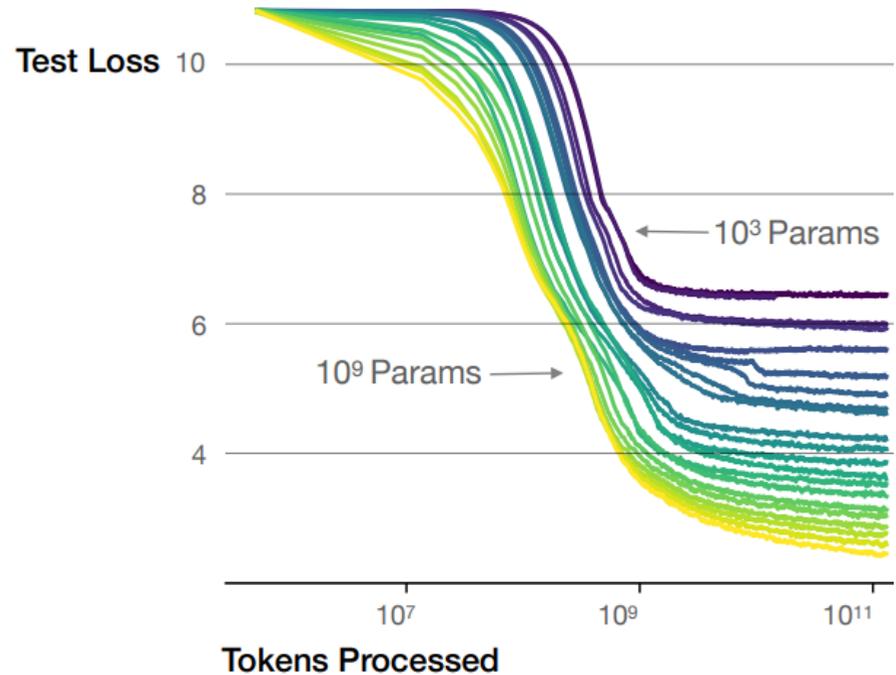
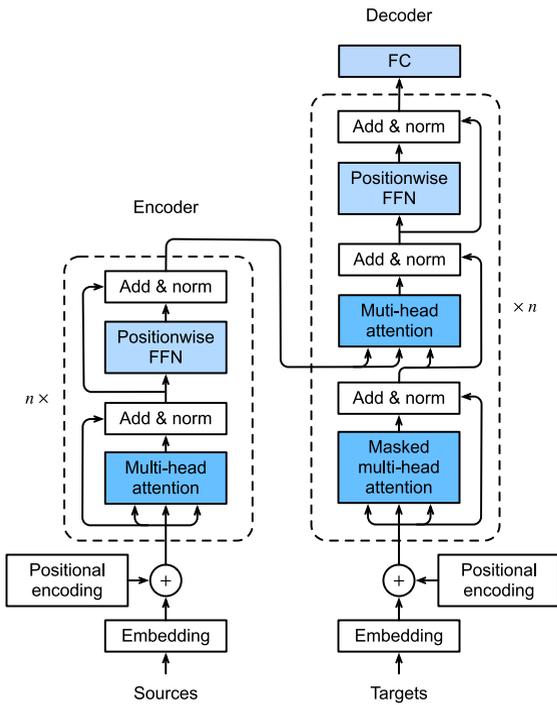
(Haut) Compréhension de scène, estimation de pose, raisonnement géométrique.

(Bas) Planification, annotation d'images, compréhension à la lecture.

Des applications immédiates de ces réseaux neurones dans les sciences et la médecine existent depuis un certain temps.



(Haut) Analyse des lames histologiques, débruitage des images IRM, détection des nævus. (Bas) Reconstruction de l'hémodynamique corporelle à partir de PPGs.



## De grands à énormes

Continuer à augmenter la taille des modèles, des ensembles de données et des ressources de calcul repousse constamment les limites de ce qui est possible, **sans montrer de signe de ralentissement.**

# ChatGPT PLUS



### Help me pick

a gift for my dad who loves fishing

### Brainstorm edge cases

for a function with birthdate as input, horoscope as ou...

### Make up a story

about Sharky, a tooth-brushing shark superhero

### Create a personal webpage for me

after asking me three questions



0:00 / 2:38

Send a message



Can you write me a report analyzing this chest X-ray?



**Findings:**

- Devices: None.
- Lungs: No pneumothorax. No substantial pleural effusion. Lungs appear clear.
- Cardiomeastinal: Normal heart size. Mediastinal contours within normal limits.
- Other: No acute skeletal abnormality.

**Impression:**

No active disease seen in chest.

Enter a question here

**Med-PaLM 2** (Google) est un modèle de langage adapté au domaine médical. Il atteint une précision de plus de 85% sur les questions de l'examen de licence médicale aux États-Unis.

(demo)



Introducing Sora — OpenAI's text-to-video ...



Later bekij...



Delen





## Video niet beschikbaar

Deze video is niet beschikbaar



Le deep learning peut également **résoudre des problèmes que personne ne pouvait résoudre auparavant.**

# AlphaFold : D'une séquence d'acides aminés à une structure 3D

nature

[Explore content](#) ▾ [About the journal](#) ▾ [Publish with us](#) ▾

[nature](#) > [articles](#) > [article](#)

Article | [Open access](#) | [Published: 15 July 2021](#)

## Highly accurate protein structure prediction with AlphaFold

[John Jumper](#) , [Richard Evans](#), [Alexander Pritzel](#), [Tim Green](#), [Michael Figurnov](#), [Olaf Ronneberger](#), [Kathryn Tunyasuvunakool](#), [Russ Bates](#), [Augustin Židek](#), [Anna Potapenko](#), [Alex Bridgland](#), [Clemens Meyer](#), [Simon A. A. Kohl](#), [Andrew J. Ballard](#), [Andrew Cowie](#), [Bernardino Romera-Paredes](#), [Stanislav Nikolov](#), [Rishub Jain](#), [Jonas Adler](#), [Trevor Back](#), [Stig Petersen](#), [David Reiman](#), [Ellen Clancy](#), [Michal Zielinski](#), ... [Demis Hassabis](#) 

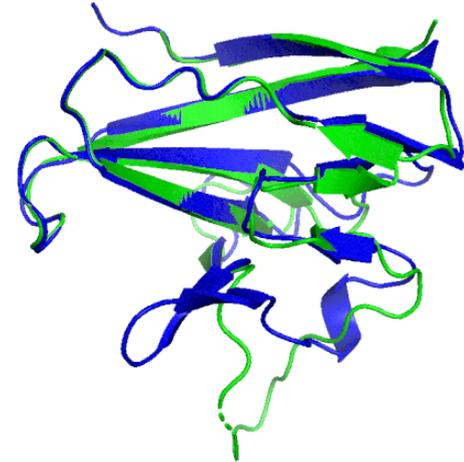
[+ Show authors](#)

[Nature](#) **596**, 583–589 (2021) | [Cite this article](#)

**1.42m** Accesses | **12k** Citations | **3493** Altmetric | [Metrics](#)

### Abstract

Proteins are essential to life, and understanding their structure can facilitate a mechanistic understanding of their function. Through an enormous experimental effort<sup>1,2,3,4</sup>, the structures of around 100,000 unique proteins have been determined<sup>5</sup>, but this represents a small fraction of the billions of known protein sequences<sup>6,7</sup>. Structural coverage is bottlenecked by the months to years of painstaking effort required to determine a single protein structure. Accurate computational approaches are needed to address this gap and to enable large-scale structural bioinformatics. Predicting the three-dimensional structure that a protein will adopt based solely on its amino acid sequence—the structure prediction component of the ‘protein folding problem’<sup>8</sup>—has been an important open research problem for more than 50 years<sup>9</sup>. Despite recent progress<sup>10,11,12,13,14</sup>, existing methods fall far short of atomic accuracy, especially when no homologous structure is available. Here we provide the

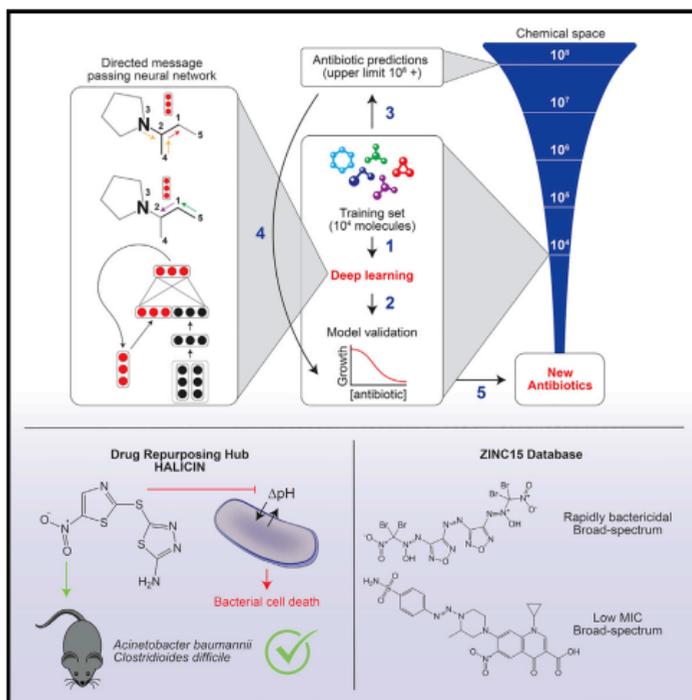


# Découverte de médicaments avec des graph neural networks

Cell

## A Deep Learning Approach to Antibiotic Discovery

### Graphical Abstract



### Authors

Jonathan M. Stokes, Kevin Yang,  
Kyle Swanson, ..., Tommi S. Jaakkola,  
Regina Barzilay, James J. Collins

### Correspondence

regina@csail.mit.edu (R.B.),  
jimjc@mit.edu (J.J.C.)

### In Brief

A trained deep neural network predicts antibiotic activity in molecules that are structurally different from known antibiotics, among which Halicin exhibits efficacy against broad-spectrum bacterial infections in mice.

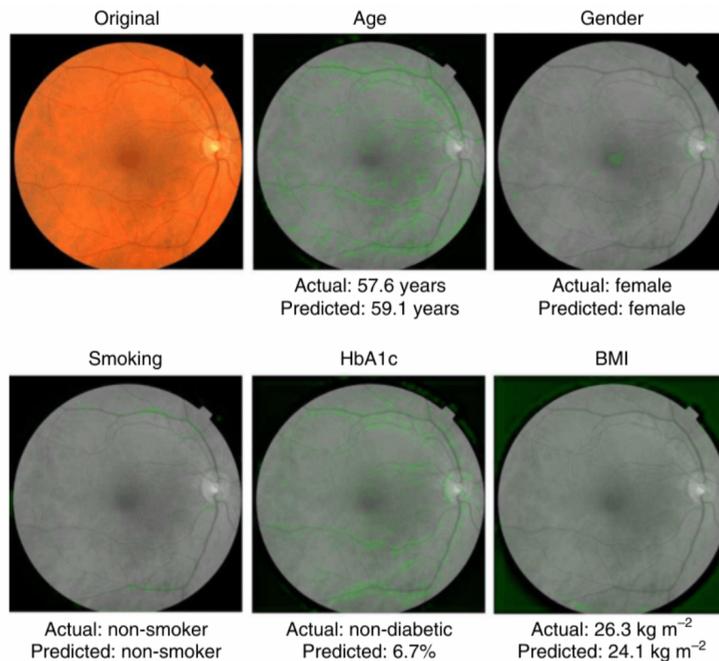
# Prédiction des risques cardiovasculaires à partir d'images rétiniennes



## Prediction of cardiovascular risk factors from retinal fundus photographs via deep learning

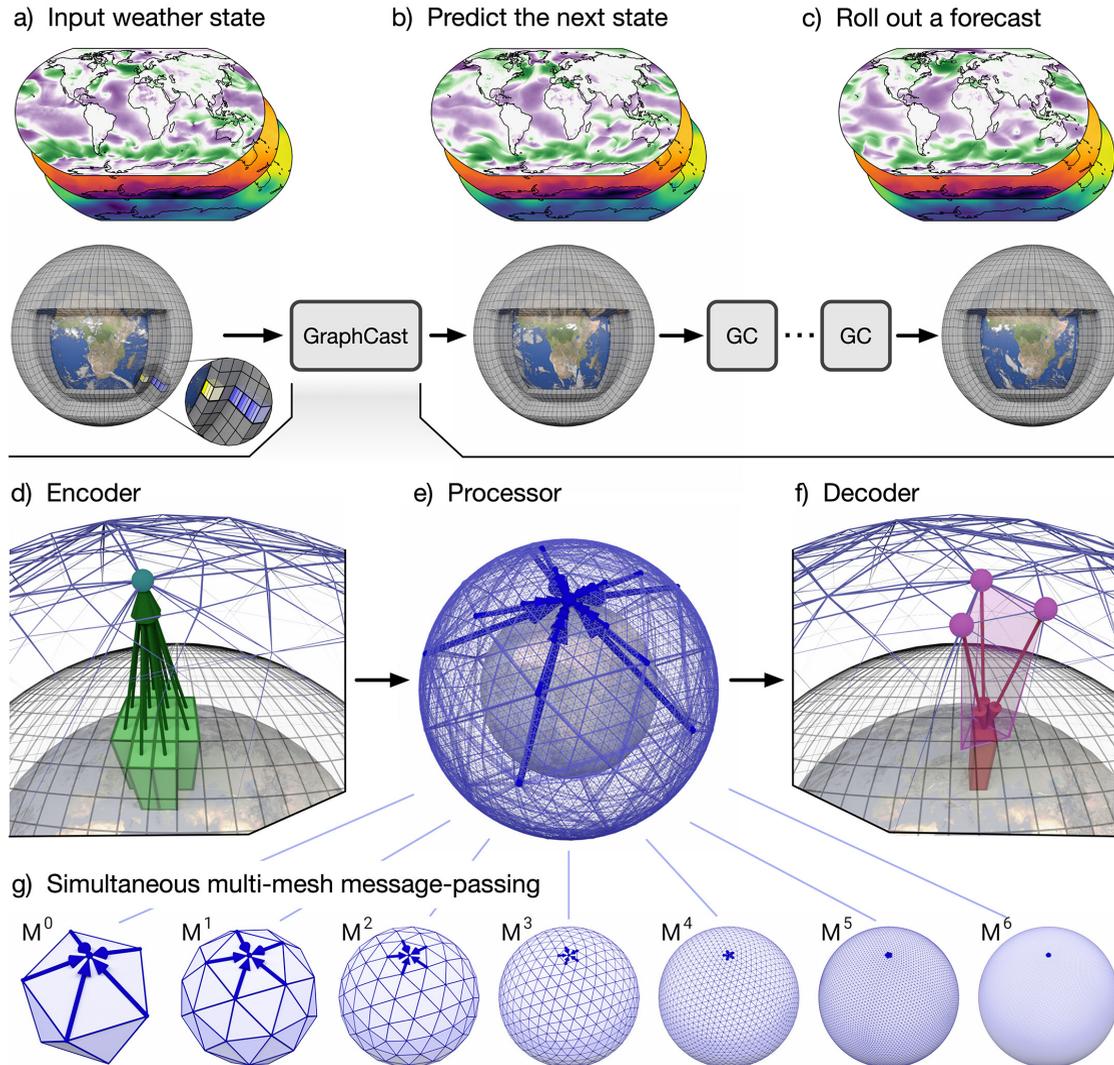
Ryan Poplin<sup>1,4</sup>, Avinash V. Varadarajan<sup>1,4</sup>, Katy Blumer<sup>1</sup>, Yun Liu<sup>1</sup>, Michael V. McConnell<sup>2,3</sup>, Greg S. Corrado<sup>1</sup>, Lily Peng<sup>1,4\*</sup> and Dale R. Webster<sup>1,4</sup>

Traditionally, medical discoveries are made by observing associations, making hypotheses from them and then designing and running experiments to test the hypotheses. However, with medical images, observing and quantifying associations can often be difficult because of the wide variety of features, patterns, colours, values and shapes that are present in real data. Here, we show that deep learning can extract new knowledge from retinal fundus images. Using deep-learning models trained on data from 284,335 patients and validated on two independent datasets of 12,026 and 999 patients, we predicted cardiovascular risk factors not previously thought to be present or quantifiable in retinal images, such as age (mean absolute error within 3.26 years), gender (area under the receiver operating characteristic curve (AUC) = 0.97), smoking status (AUC = 0.71), systolic blood pressure (mean absolute error within 11.23 mmHg) and major adverse cardiac events (AUC = 0.70). We also show that the trained deep-learning models used anatomical features, such as the optic disc or blood vessels, to generate each prediction.



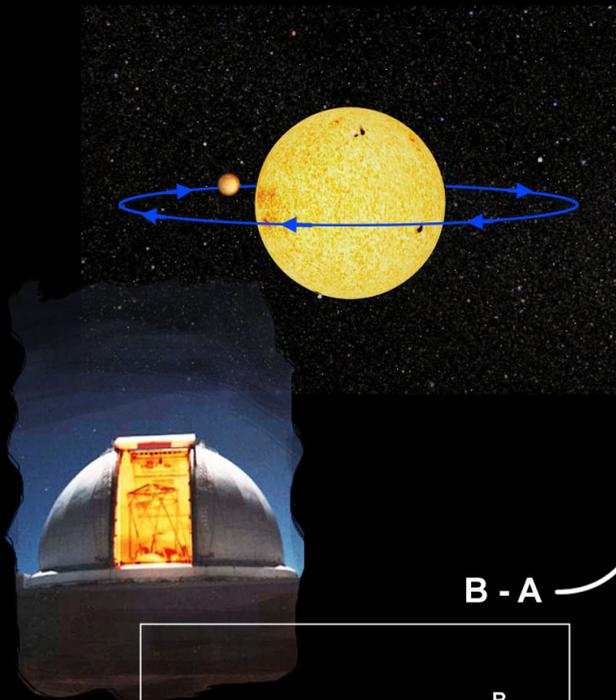
Source Li, Abner, and Abner Li. 2018. "Alphabet's Verily Analyzing Retinas W/ Machine Learning To Predict Heart Disease". 9To5google. <https://9to5google.com/2018/02/19/alphabet-verily-eyes-heart-disease/>.

# GraphCast: des prédictions météorologiques rapides et précises

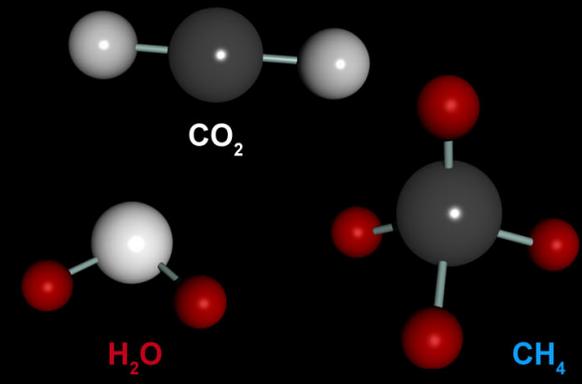
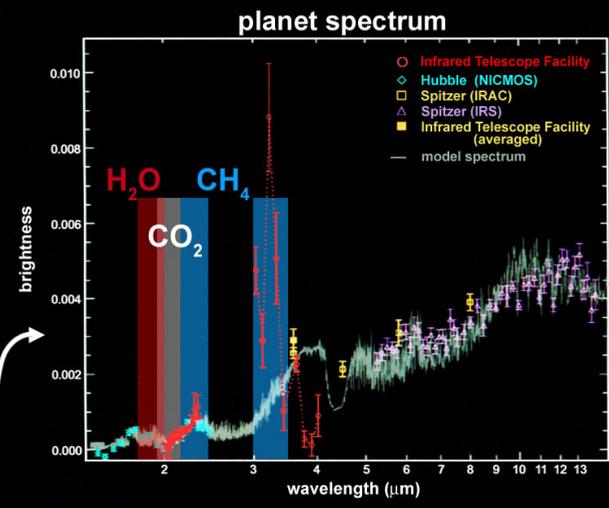
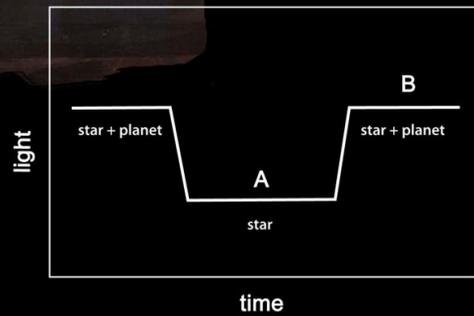




# Estimation de l'atmosphère des exoplanètes

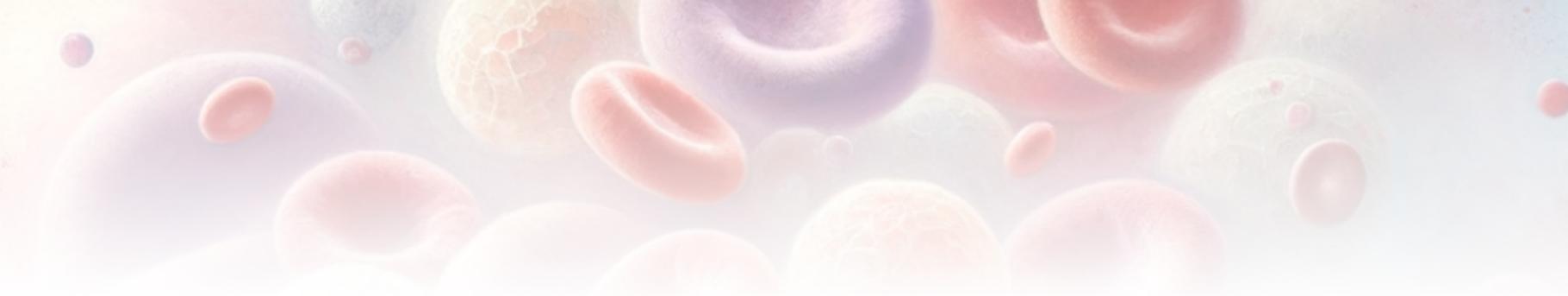


B - A



## Limitations

- Les réseaux de neurones sont des **boîtes noires**. Leur fonctionnement interne est difficile à comprendre et leurs prédictions difficiles à expliquer.
- Certifier la robustesse des réseaux de neurones est également difficile. Comment les utiliser dans des applications critiques en matière de sécurité, comme la santé et la médecine ?
- Les réseaux de neurones modernes nécessitent de **grandes quantités de données et de calcul**. Les ressources nécessaires pour les former et les exécuter peuvent être prohibitives.
- Les données sont souvent **biaisées**. Comment s'assurer qu'un réseau neuronal ne reproduira pas ces biais ?



## Résumé

- Les réseaux de neurones profonds apprennent à résoudre des tâches complexes par eux-mêmes, à condition d'avoir suffisamment de données et de puissance de calcul.
- Ils sont déjà utilisés dans la science et la médecine, et seront de plus en plus utilisés à l'avenir avec l'avènement des systèmes d'IA conversationnels et génératifs.
- Ils ne sont pas parfaits, et leurs limitations doivent être prises en compte.