

Type d'offre : Offre en entreprise

Date de publication : 28.03.25

ASNR

PhD Offer | Generative AI & transfer learning between imaging modalities in cytogenetic biol. dosimetry

Informations générales

Type de contrat : CDD

Contact :

[Offre](#)

Date de prise de poste : lun 06/10/2025 - 12:00

ASNR :

L'[Autorité de sûreté nucléaire et de radioprotection](#) (ASNR) est une autorité administrative indépendante créée par la loi du 21 mai 2024 relative à l'organisation de la gouvernance de la sûreté nucléaire et de la radioprotection pour répondre au défi de la relance de la filière nucléaire. Elle assure, au nom de l'État, le contrôle des activités nucléaires civiles en France et remplit des missions d'expertise, de recherche, de formation et d'information des publics. L'ASNR est composée de fonctionnaires, d'agents de droit public et de salariés de droit privé.

Détail de l'offre (poste, mission, profil) :

Environnement / Organisation / Contexte

Dans les situations d'accidents nucléaires, médicaux ou d'actes de malveillance radiologique, la connaissance du niveau d'exposition des personnes aux rayonnements ionisants est cruciale pour déterminer la réponse médicale appropriée. En complément de la dosimétrie physique, la dosimétrie biologique cytogénétique est basée sur des techniques d'imagerie qui permettent de détecter les lésions chromosomiques radio-induites dans les lymphocytes circulants. Ces dommages, connus sous le nom d'aberrations chromosomiques, sont considérés comme l'un des biomarqueurs les plus fiables pour estimer l'exposition aux rayonnements.

Dans des travaux antérieurs, des modèles de vision par ordinateur et d'intelligence artificielle ont été développés pour détecter automatiquement les aberrations chromosomiques pour deux modalités d'imagerie cytogénétique : imagerie Giemsa et imagerie Fish3. En particulier, ce travail a révélé la possibilité d'utiliser une approche « trans-modale » pour passer d'une modalité d'imagerie à une autre, permettant le développement d'un modèle de vision par ordinateur pour une troisième modalité d'imagerie cytogénétique : le multi-Fish (M-Fish).

Mission

Cette thèse est un projet collaboratif entre le laboratoire de radiobiologie des expositions accidentelles de l'ASNR et l'équipe du projet SAIRPICO de l'INRIA. Elle propose de déployer des outils d'IA générative et d'apprentissage par transfert

autour de trois thèmes : 1) le développement d'un modèle d'IA pour la présélection des images dans les modalités Giemsa/Fish3, 2) la conversion du comptage automatisé des aberrations en imagerie Fish3 en une dose de rayonnement, en prenant en compte les facteurs confondants et les incertitudes associées, et enfin 3) le développement d'un nouveau modèle d'IA pour le comptage automatisé des aberrations chromosomiques en imagerie M-Fish.

TÂCHE 1 - Développement de modèles d'intelligence artificielle pour la présélection des images de métaphase dans les modalités Giemsa et Fish-3 (de Q4 2025 à Q2 2026)

Des réseaux de neurones convolutifs de classification seront entraînés sur deux bases de données (pour chaque modalité Giemsa et Fish) contenant des images classées en deux étiquettes par des experts : images non exploitables (environ un millier pour chaque modalité) ou images exploitables (environ cinq mille). La similarité entre les images Giemsa et le canal bleu (DAPI) des images Fish3 sera exploitée en utilisant des méthodes d'apprentissage par transfert afin de doubler la taille de chaque base de données d'entraînement.

TÂCHE 2 - Validation dosimétrique d'un modèle IA pour le comptage des aberrations chromosomiques en imagerie Fish3 (du T3 2026 au T1 2027)

L'objectif est de combiner deux modèles de deep learning, l'un pour la détection des aberrations et l'autre pour la régression des courbes d'étalonnage, afin de fournir une estimation personnalisée de la dose et des incertitudes associées.

Plus précisément, le premier modèle sera entraîné sur une base de données augmentée par une intelligence artificielle générative image à image afin de classer les chromosomes et d'identifier les aberrations chromosomiques dans Fish3. Le second modèle modélisera le taux de base (en l'absence d'exposition aux rayonnements ionisants) des aberrations chromosomiques en intégrant des variables démographiques individuelles telles que l'âge, le sexe et le tabagisme.

TÂCHE 3 - Développement d'un modèle IA pour le comptage des aberrations chromosomiques en utilisant l'imagerie M-Fish (de Q2 2027 à Q2 2028)

En utilisant 5 sondes fluorescentes (au lieu de 3 pour la technique Fish3), il est possible de colorer chaque chromosome d'une cellule avec une seule couleur en utilisant la technique M-Fish. Cela permettrait de dénombrer toutes les aberrations de manière exhaustive. Cependant, le temps d'analyse est très long et impossible à déployer dans un contexte d'accident opérationnel. De plus, le nombre d'images d'entraînement disponibles est assez faible (quelques centaines).

Ce projet de thèse propose une approche en deux étapes pour traiter ce problème : utiliser des techniques d'apprentissage par transfert pour développer des modèles génératifs d'aberrations chromosomiques sous M-Fish à partir de modèles entraînés à générer des aberrations sous la modalité fish3, puis utiliser ces images synthétiques comme augmentation de données pour développer un classificateur d'aberrations sous M-Fish.

Profil recherché

Les candidats doivent être titulaires d'un master en mathématiques appliquées, en science des données ou en biostatistique. Le candidat sélectionné travaillera en étroite collaboration interdisciplinaire avec des scientifiques ayant une expertise en mathématiques appliquées et en radiobiologie. Le poste comprend l'analyse des données et la rédaction de manuscrits en collaboration avec l'équipe de recherche. Le candidat sélectionné sera encouragé à présenter les résultats du projet lors de conférences scientifiques ainsi qu'aux autorités administratives.

Localisation du poste

Europe, France, Ile-de-France, Hauts-de-Seine (92)

Lien vers l'offre sur le site dataia.eu :<https://da-cor-dev.peppercube.org/node/1270>