

---

# COMPARAISON DES PERFORMANCES DES RÉSEAUX DE NEURONES ET DES FORÊTS ALÉATOIRES POUR LA DISCRIMINATION DES GROUPES À PARTIR DE COURBES PCR-HRM

Karma Jammoul\*<sup>†1</sup>, Sarah Chayrigues<sup>1</sup>, Christelle Reynes<sup>1,2</sup>, Benjamin Sauldé<sup>1</sup>, and Joany Guy<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Afyia Diagnostics – aucune, société privée – France

<sup>2</sup>Institut de Génomique Fonctionnelle – CNRS : UMR5203 – France

## Résumé

La technique d'analyse des courbes de fusion à haute résolution (HRM) est une méthode de biologie moléculaire réalisée post PCR. Cette technique est utilisée pour identifier des mutations (ou autres variabilités génétiques) en comparant les profils des courbes de fusion de différents échantillons à des courbes de références. Cependant, ces courbes nécessitent un pré-traitement et sont parfois difficiles à interpréter. DISoft™ est un logiciel, basé sur la méthode des forêts aléatoires, qui permet de classer des échantillons inconnus parmi plusieurs groupes connus à partir de leurs profils de courbes PCR-HRM. Avec l'émergence de l'intelligence artificielle, cet article étudie la comparaison des performances de cet outil avec celles des réseaux de neurones à discriminer des groupes à partir des courbes PCR-HRM. Cette étude se divise en deux parties principales : la mise en place d'un réseau ainsi que l'optimisation de ses hyperparamètres et la comparaison ces performances avec celles des forêts aléatoires. En conclusion, les résultats de cette étude ont prouvé que les performances des réseaux de neurones et des forêts aléatoires sont assez proches mais en vue du temps long d'optimisation des réseaux de neurones, les forêts aléatoires restent une méthode plus pertinente à utiliser sur DISoft™.

**Mots-Clés:** PCR, HRM, réseaux de neurones, forêts aléatoires, classification supervisée, grid search, optimisation d'hyperparamètres.

---

\*Intervenant

<sup>†</sup>Auteur correspondant: karma.jammoul@afyia.diagnostics.com