

## Journée du 23 Juin

### Orateurs Invités

- 09.30–10:10 : Mots d'introduction de **Prof. Catherine Guettier-Bouttier**, PU-PH APHP  
**Titre:** La pathologie digitale et ses applications  
**Biographie :** Catherine Guettier-Bouttier est professeur d' Anatomie et Cytologie Pathologiques à l'Université Paris Sud (Hôpitaux Universitaires Paris Sud), membre de l' Unité INSERMU1193, présidente de la Société Française de Pathologie de 2010 à 2012, et responsable du réseau de Télépathologie d'Ile de France 2014-2015, enfin membre externe du Conseil de l'Ecole doctorale Interfaces Université Paris-Saclay. Prof. Guettier-Bouttier a notamment présidé la Collégiale des Anatomo-Pathologistes.
- 10.30–11.10 : **Dr. Ralf Schönmeier**, Definiens, Allemagne  
**Title:** Groundworks for Tissue Phenomics: Automated Whole Slide Analysis of Differently Stained and Registered Tissue Sections  
**Biography:**  
Ralf Schönmeier studied physics at Frankfurt am Main University, Germany, and did his PhD in the local Brain Imaging Center at the University Hospital. Since 2007 he works for Definiens in Munich and conducts internal and external research projects.
- 14.00–14.40 : **Prof. Adrien Depeursinge**, HES-SO / EPFL, Suisse  
**Title:** Texture-Based Computational Models of Tissue in Biomedical Images: Initial Experience With Digital Histopathology  
**Abstract :**  
One approach to computerized histopathology image analysis is to leverage the multi-scale texture information resulting from single nuclei appearance to entire cell populations. In this talk, we will introduce a novel framework for learning highly adaptive texture-based local models of biomedical tissue. I will discuss our initial experience with the differentiation of brain tumor types in digital histopathology.  
**Biography :** Adrien Depeursinge received the B.Sc. and M.Sc. degrees in electrical engineering from the Swiss Federal Institute of Technology (EPFL), Lausanne, Switzerland, in 2003 and 2005, respectively, with a specialization in signal and image processing. From 2006 to 2010, he performed his Ph.D. thesis on medical image analysis with a focus on texture analysis and content-based image retrieval at the University Hospitals of Geneva (HUG). He then did a Postdoctoral Fellowship in the Department of Radiology at Stanford University. Starting from 2014, he holds a joint position as professor at the University of Applied Sciences Western Switzerland, Sierre (HES-SO) and as research associate in the Biomedical Imaging Group at EPFL.

## **Session 1 : [11:10 -12:00]**

### **[11:10] La dégradation de la matrice extracellulaire : un indicateur de l'état des artères d'un individu**

**Auteurs :** F. Zapfack Zebaze<sup>1,2</sup>, E. Grall-Maes<sup>1</sup>, P. Beuseroy<sup>1</sup>, L. Debelles<sup>2</sup>, M. Dauchez<sup>2</sup>, R. Cogramne<sup>1</sup> et S. Almagro<sup>2</sup>.

**Affiliations :** <sup>1</sup>Laboratoire de Modélisation et Sécurité des Systèmes (LM2S), Institut Charles Delaunay, UMR CNRS 6279, pôle ROSAS, Université de technologie de Troyes. <sup>2</sup>Laboratoire Signalisation et Récepteurs Matriciels (SiRMa), Unité Matrice Extracellulaire et Dynamique Cellulaire (MEDyC), UMR CNRS 7369, Université de Reims-Champagne-Ardenne.

**Résumé :** La matrice extracellulaire est un assemblage complexe produit par les cellules de notre organisme. Elle est primordiale pour le fonctionnement des tissus car elle leur fournit notamment un soutien et un ancrage mécanique. L'élastine est une protéine fibreuse de la matrice extracellulaire. Elle est synthétisée par notre organisme avant l'adolescence. Elle a la particularité d'être autofluorescente et est donc visualisable sur des coupes de tissus. Ce sont les propriétés élastiques de l'élastine qui confèrent son élasticité à la peau ou bien la résistance mécanique aux parois vasculaires. Cette matrice extracellulaire, ainsi que l'élastine qu'elle contient, sont dégradées au cours du vieillissement. Certaines pathologies chroniques telles que le diabète accélèrent ce processus de dégradation. Notre travail a pour but d'imager l'élastine contenue dans des tissus, d'extraire différents paramètres morphologiques et quantitatifs des images, d'en déduire l'état réel du réseau artériel d'un individu et d'inférer sur l'évolution de son état physiologique. Ce travail qui en est à ses débuts a été effectué sur des coupes de tissus murins issus de souris présentant ou pas certaines pathologies chroniques affectant l'intégrité des parois vasculaires. Nos premiers résultats montrent la possibilité (1) de mettre en place un protocole expérimental pour l'obtention d'images d'élastine, (2) d'extraire des premiers paramètres pertinents et (3) d'appliquer une méthodologie de classification pour la détection automatisée de pathologie à un stade précoce.

### **[11:35] Virtual Platform for multimodal data analysis: Immuno Histology vs. Fluorescence as diagnostic aid**

**Auteurs :** Anne Danckaert, Institut Pasteur – Paris

**Abstract:** In multi modal biological imaging domains it becomes essential to find new sustainable conceptual frameworks that favor integration, fast and easy interpretation as well as an interactive visualization of results obtained from images produced by these techniques. However, there still, remains the need for new and improved tools to facilitate quantitative multi-modality data integration and especially those that enrich meta-data management of ontology, quantitative analyses/results, and statistics. If not shared and associated with rich meta-data scientific images can easily become worthless. Consequently, it is vital to create a joint space for relevant information, providing a knowledge-mine environment dedicated to scientists for their research. Such an environment is the keystone to robust interpretation for comparative studies on bulk sample preparation wherein fully automated approaches are the unique way to achieve statistically validated and reliable analyses from diseased and/or healthy tissue. In this talk, we will describe a collaborative project to characterize the collagen fiber architecture on colonic tissue through the SHG signal and its validation on histological slides as diagnostic aid. Briefly, we will introduce how to develop tools to establish a correspondence (or correlation) between data from several types of approaches:

- The data providing of the visual expertise and clinical annotations by experts, but also providing a metadata framework embodying imaging acquisition methods and their associated parameters.
- 2D/3D quantitative data set based on the biological context and the sample analyzed.
- The statistical results and their associated methods to reinforce the probabilistic space.

## **Session 2 [14:40 – 15:40]**

### **[14:40] Combining Icy and Cytomine for multi-centric digital pathology**

**Auteurs :** Raphaël Marée<sup>1,2</sup>, Florian Aubin<sup>1</sup>, Alexandre Gaspard Cilia<sup>1</sup>, Jean-Christophe Olivo-Marin<sup>1</sup>, Vannary Meas-Yedid<sup>1</sup>

**Affiliations :** 1 Unité d'Analyse d'Images Biologiques, Institut Pasteur, Paris, France, 2 Systèmes et Modélisation, Département d'Électricité et d'Informatique, GIGA-Research, Université de Liège, Belgique

**Abstract:** We present our recent developments that combine the Icy image analysis software (<http://icy.bioimageanalysis.org/>) and the Cytomine web platform (<http://www.cytomine.be/>) for multi-centric digital pathology studies, in particular their application in histology image analysis in nephrology. Cytomine is a rich internet application using recent web technologies and integrating various tools, standards and algorithms. Whole-slide images produced by major slide scanners can be visualized at multiple resolutions in traditional web clients. Our underlying relational data model allows to create and manage projects which contain users with permission lists, digital slide images, ontologies with domain-specific terms, and layers of annotation geometries (e.g. polygons) drawn manually on top of digital slide images or generated by image analysis softwares. All project data are stored in a relational database and can be visualized and edited through the web interface and they can also be retrieved or updated by third-party softwares through a RESTful API. Various communication mechanisms allow multiple users to share and comment their images and annotations. In addition, tree-based machine learning algorithms are implemented to speed up exploration and annotation of digital slides. Icy is a collaborative informatics platform that combines a Java free open software designed for bio-image analysis and a community website for contributing and sharing algorithms and protocols. Icy extends the reproducible research principles, by encouraging and facilitating the reusability, modularity, standardization and management of algorithms and protocols. Three levels of programming are available: plug-ins, scripts and protocols. The last one is a visual programming paradigm for Icy end-users without specific programming skill. Since april 2011, about 300 plug-ins have been published online. In this talk, we will illustrate our ongoing study on a multi-centric dataset containing hundreds of whole digital slides of renal biopsies. Our workflow is applied on batch of images and aims at automatic detection of glomeruli. The first step detects glomeruli candidates by using image processing (using Icy), namely Otsu thresholding, ellipse estimation algorithm, and superpixel segmentation. The second step applies machine learning (using Cytomine) to classifies each of these candidates into positive (glomeruli) or negative objects using a supervised classification model based on extremely randomized trees and random subwindows. Both softwares communicate through web communication mechanisms and results can be proofread remotely through the Cytomine web client. This integration eases validation of algorithm results by multiple pathologists and will foster further algorithm refinements.

### **[15:00] Histological analysis of the lung tumor tissue features**

**Auteurs:** Yi Yin<sup>1,2</sup>, Irène Vignon-Clementel<sup>1,2</sup>, Dirk Drasdo<sup>1,2</sup>, Benedikt Müller<sup>3</sup>, Johannes lotz<sup>4</sup>, Kai Breuhahn<sup>3</sup>, Oliver Sedlacek<sup>3</sup>, Arne Warth<sup>3</sup>

**Affiliations:**

1 INRIA Paris-Rocquencourt, Le Chesney, France

2 Sorbonne Universités, UPMC Univ Paris 6, Laboratoire Jacques-Louis Lions, Paris, France

3 University Hospital Heidelberg, Germany

4 Mevis Lübeck, Germany

Laboratoire Jacques-Louis Lions in collaboration with University Hospital Heidelberg, Mevis Lübeck - Germany

**Abstract:** Lung cancer is the leading cause of cancer related-deaths worldwide. The definitive diagnosis of lung cancer is based on histological examination of the suspicious tissue after prior clinical and radiological indications. Our research is focused on the quantitative analysis of the histological tumor tissue features, and the attempt in inferring maximal microscopic information from non-invasive large scale medical images. We propose automatic segmentation algorithms to detect the different cell types on the histological images of a resected lung tumor. Our algorithm combines the

image local intensity minimum and gradient information, and performs a high detection accuracy evaluated by a pathologist serving as gold standard. We developed a pipeline permitting us to study the correlation between DWI MRI and histology, and tested it on a Non Small Cell Lung Cancer patient. Drawing the cell density inferred from the histological analysis of the tissue blocks against the DWI diffusion coefficient reveals a negative correlation between the diffusion of water molecules and tumor cellularity. Such work may contribute to better DWI MRI interpretation for tumor diagnosis and assessment, and treatment planning.

## **[15:20] High-throughput 3D whole-brain quantitative histopathology in rodents.**

**Auteurs :** Michel E. Vandenberghe, Anne-Sophie Hérard, Nicolas Souedet, Philippe Hantraye, Marc Dhenain, Thierry Delzescaux\*

**Affiliations :** Commissariat à l'Energie Atomique (CEA) – Molecular Imaging Research Center (MIRCent), 92265 Fontenay-Aux-Roses, France

**Abstract :** Histology is the gold standard to unveil microscopic brain structures and pathological alterations in humans and animal models of disease. However, due to tedious manual interventions, quantification of histopathological markers is classically performed on a few tissue sections, thus restricting measurements to limited portions of the brain. Recently developed 3D microscopic imaging techniques have allowed in-depth study of neuroanatomy. However, quantitative methods are still lacking for whole-brain analysis of cellular and pathological markers. Here, we propose a ready-to-use, automated, and scalable method to thoroughly quantify histopathological markers in 3D in rodent whole brains. It relies on block-face photography, serial histology and 3D-HAPi (Three Dimensional Histology Analysis Pipeline), an open source image analysis software. We illustrate our method in studies involving mouse models of Alzheimer's disease and show that it can be broadly applied to characterize animal models of brain diseases, to evaluate therapeutic interventions, to anatomically correlate cellular and pathological markers throughout the entire brain and to validate *in vivo* imaging techniques.

### **Session 3 : [16:00 – 17:20]**

## **[16:00] Graph-based mathematical morphology for crypt segmentation in inflammatory bowel disease: Preliminary results**

**Auteurs :** 1 Bassem Ben Cheikh, 1 Daniel Racoceanu, 2 Philippe Bertheau

**Affiliations :** 1 Sorbonne Universités, UPMC Univ Paris 06, CNRS, UMR 7371, LIB, INSERM, U1146, LIB, F-75013, Paris, France, 2 Université Paris Diderot USPC, APHP, Hôpital Saint-Louis, Department of Pathology, F-75010,, Paris, France

**Abstract :** Inflammatory Bowel Diseases (IBDs) are characterized by chronic inflammation of the gastrointestinal tract, principally the colon and the small intestine. The routine diagnosis of an IBD is based on biopsy analysis. A biopsy of an affected colon tissue may show abnormalities in its histological structures, known as crypts of Lieberkühn. The morphological features of the intestinal glands are significant indicators for the severity of the disease. In this context, intestinal gland segmentation represents a necessary step to automate the analysis of biopsies that contain these glandular structures. This study presents a graph-based technique describing spatial relationships over sparse structures for crypt segmentation using morphological mesh filtering operators. The proposed technique relies on formal mathematical framework able to be generalized to various architecture criteria used in a wide range of medical diagnosis procedures. Besides, the light method adaptation and its efficient processing time allow analysing huge Whole Slide Images (WSI) databases. The experiment was conducted on a set of 28 H&E-stained histopathological slides. 64 regions of interest corresponding to colon tissues that contain crypts were manually drawn. This dataset contains 1824 intestinal glands in total. The segmentation accuracy is about 94%, with 82% of precision and 79% of

sensitivity. The computational time of our approach varies from 45 sec to 118 sec, depending on the image size. The point-set morphological operators used here present the advantage of a compact mathematical formalism as well as scalability to big datasets. In addition, we were able to reach similar performances, as more sophisticated time-consuming methods.

## **[16:20] Apprentissage machine pour l'analyse de tissu biologique**

**Auteurs :** Grégory Apou, doctorant en informatique à l'Université de Strasbourg

**Résumé :** De plus en plus, les laboratoires médicaux s'équipent d'appareils spécialisés dans la numérisation de lames microscopiques, générant ainsi des images digitales de grande taille appelées Whole Slide Images (WSIs). Les méthodes modernes d'apprentissage machine peuvent être appliquées à l'analyse de telles images afin d'en extraire des informations biologiquement et médicalement pertinentes. Cette communication présente un outil web facilitant l'entraînement collaboratif et l'application de réseaux de neurones convolutionnels sur des WSIs annotées. Cet outil repose sur des technologies libres pouvant être déployées et utilisées de manière flexible et sécurisée. Ainsi il est possible de : visualiser des images, éditer et comparer des annotations morphologiques, et exploiter ces annotations pour automatiser des tâches d'analyse telles que la détection et la quantification d'objets d'intérêt, par exemple des lobules mammaires dans des images histopathologiques avec diverses colorations. Les informations extraites peuvent ensuite être combinées à des données cliniques pour l'aide au diagnostic ou l'étude statistique d'hypothèses biomédicales.

## **[17:00] Algorithmes rapides pour la detection, la segmentation, le recalage et l'alignements de spots TMA (« Tissue Microarray »)**

**Auteurs :** Hoai Nam NGUYEN (1), Charles KERVRANN (1), Vincent PAVEAU (2), Cyril CAUCHOIS (2)

**Affiliation :** (1) Inria Rennes - Bretagne Atlantique, (2) Innopsys

**Résumé :** L'alignement de spot est primordial en analyse de TMA (« Tissue MicroArray »). Cependant, il n'existe pas de solution satisfaisante dans littérature pour répondre à cette problématique d'une manière générale. Dans cet exposé, nous présentons un cadre général qui s'appuie sur combinaison d'algorithmes rapides et robustes pour aligner les spots dans des images de très grandes tailles, acquises en imagerie optique et en mode fluorescence. Trois algorithmes seront décrits pour réaliser les tâches de détection (a) de spots, de segmentation (b) de spots et d'alignement/indexation (c):

- a) Nous proposons une méthode robuste et adaptative de seuillage local des coefficients d'ondelettes pour localiser les spots d'intérêt.
- b) Une méthode de segmentation par contour actif paramétrique (ellipse) permet ensuite d'identifier les bords de plusieurs dizaines de spots.
- c) Les indices de ligne et de colonne des spots sont calculés en estimant la déformation de la grille des spots théorique sous une hypothèse d'une déformation du type « plaque mince ».
- d)

Notre méthode est appropriée aux déformations non-linéaires et permet de quantifier la déformation de la grille des spots qui est un bon indice de la qualité de fabrication de la lame TMA numérisée.

## **[17:20] Discussion et Perspectives pour cette journée**

## Journée du 24 Juin

### Orateurs Invités

09.30–10.20 : François Rousseau, LATIM, Télécom-Bretagne

**Titre :** Etude morphométrique du développement cérébral in utero à partir d'IRM

**Résumé:** L'imagerie par résonance magnétique est une modalité d'imagerie qui permet une visualisation in vivo très fine de l'anatomie cérébrale fœtale. Dans ce contexte, les enjeux concernent par exemple une meilleure compréhension du développement cérébral et des retards de croissance intra-utérins, la possibilité de proposer une analyse personnalisée des données et à plus long terme une meilleure prise en charge des prématurés. Cet exposé présentera différentes approches permettant une description temporelle du développement cérébral fœtal à partir d'images IRM reconstruites. Le problème considéré ici consiste à estimer un modèle 3D + t pouvant servir d'espace de référence pour des études morphométriques. Cet espace de référence permet alors d'extraire des caractéristiques des données IRM et ainsi de définir des biomarqueurs caractérisant le développement normal du cerveau fœtal.

10.20–11.10 : Carole Lartizien, CREATIS, Université de Lyon

**Titre :** Apprentissage pour l'aide au diagnostic en imagerie multi-modalités du cancer

**Résumé:** L'imagerie médicale occupe une place de plus en plus importante dans la prise en charge des patients, particulièrement pour le diagnostic et le suivi thérapeutique des pathologies cancéreuses. Les médecins ont aujourd'hui à leur disposition une masse croissante de données issues de différentes modalités ou différentes séquences d'imagerie, parfois complétées par des analyses biologiques et des données sémantiques hétérogènes. L'un des challenges de la communauté scientifique de l'analyse d'images est de proposer des outils logiciels capables d'aider le clinicien à extraire l'information pertinente pour améliorer le diagnostic. Dans cet exposé, nous discuterons des stratégies proposées pour intégrer les informations de différentes modalités d'imagerie, en nous intéressant plus particulièrement aux méthodes par apprentissage. Une part importante de cette discussion sera consacrée à l'extraction d'attributs discriminants. Cette présentation sera illustrée par des exemples de projets réalisés au laboratoire et soulignera les challenges à relever au cours des prochaines années dans ce domaine.

**Mots clés** = imagerie médicale multi-modalités, imagerie du cancer, apprentissage statistique, attributs discriminants, performance diagnostique

11.10–12.00 : Sébastien Thureau, Département de Radiothérapie et de Médecine Nucléaire Centre Henri Becquerel de Rouen - Unité Litis-Quantif

**Titre :** Place de l'imagerie fonctionnelle en radiothérapie thoracique

**Résumé :** La radiothérapie est un traitement localisé de nombreux cancers. Elle est notamment utilisée dans les cancers bronchiques localement avancés et les tumeurs inopérables. L'efficacité de ce traitement est étroitement liée à la définition de la cible thérapeutique. L'imagerie fonctionnelle par TEP apporte aujourd'hui une information supplémentaire tant en préthérapeutique, qu'en perthérapeutique ou durant la surveillance. Cette présentation fera le point sur l'intérêt de la TEP/TDM au FDG dans la prise en charge des cancers bronchiques ainsi que l'apport des traceurs de l'hypoxie dans la définition des patients et des zones à risque de récurrence.



## [14 :00] Segmentation de tumeurs cérébrales en imagerie hybride TEP-IRM

**Auteurs :** Hélène Urien, Sarah Boughdad, Jean Louis Alberini, Irène Buvat, Nicolas Rougon et Isabelle Bloch

Institut Mines-Télécom, Télécom ParisTech, CNRS LTCI, 46 Rue Barrault, 75013 Paris, France  
[helene.urien@telecom-paristech.fr](mailto:helene.urien@telecom-paristech.fr)

**Résumé :** L'acquisition simultanée d'examens d'imagerie par résonance magnétique (IRM) et de tomographie par émission de positons (TEP), rendue possible par l'avènement des scanners hybrides TEP-IRM, ouvre la voie au développement de méthodes de co-analyse, exploitant pleinement la complémentarité des informations anatomiques et fonctionnelles fournies par ces deux modalités. Cette combinaison offre en particulier des perspectives nouvelles pour l'amélioration du diagnostic en oncologie et la planification du traitement en radiothérapie, qu'explore actuellement le Lidex PIM (Physique et Ingénierie pour la Médecine) de l'Université Paris-Saclay.

L'objectif de ce travail est de segmenter automatiquement des tumeurs en prenant en compte les spécificités inhérentes à chaque modalité afin d'obtenir deux volumes tumoraux distincts. La tumeur en TEP est obtenue par seuillage de l'intensité au sein d'un volume d'intérêt. Une méthode de segmentation variationnelle biphasée, basée sur la minimisation d'une fonctionnelle convexe proposée dans [1, 2], permet d'extraire le volume tumoral IRM en s'appuyant sur l'intensité du signal TEP. L'utilisation d'informations de symétrie pour guider la segmentation IRM et le recours à un modèle multiphasé [3] sont également évalués. En attendant la disponibilité de l'imageur TEP-IRM du CEA-SHFJ en cours d'installation, cette approche a été testée sur 7 patients atteints de méningiomes agressifs, pour lesquels on dispose d'examens IRM (T1 Gd-DTPA) et TEP (choline) réalisés séparément à un mois d'intervalle et réalignés par recalage rigide sur la base d'un critère d'information mutuelle normalisée. Les résultats préliminaires montrent que l'approche développée dans [1] s'adapte bien à la segmentation IRM/TEP, et que le recours à un modèle multiphasé permet de différencier la tumeur de structures voisines d'intensité similaire.

### Références :

- [1] J. Wojak, E. D. Angelini et I. Bloch. Joint Variational Segmentation of CT-PET Data for Tumoral Lesions. IEEE International Symposium on Bio- medical Imaging (ISBI). Rotterdam, Netherlands. April 2010, pp. 217-220.
- [2] J. Wojak. Analyse d'images multi-modales TEP-TDM du thorax. Application à l'oncologie : segmentation de tumeurs, d'organes à risque et suivi longitudinal pour la radiothérapie. PhD thesis, Télécom ParisTech, 2010.
- [3] J.C. Moreno, V.B. Surya Prasath, H. Proença et K. Palaniappan. Fast and globally convex multiphase active contours for brain MRI segmentation. Computer Vision and Image Understanding, 2014, vol. 125, p. 237-250.

## [14 :25] Classification des images cérébrales par le contenu visuel: Application au diagnostic précoce de la maladie d'Alzheimer

**Auteurs :** Olfa Ben Ahmed, Jenny-Benois Pineau, Michelle Allard, Chokri Ben Amar, Gwénaëlle Catheline

Laboratoire Bordelais de Recherche en Informatique (LaBRI) [oben-ahm@labri.fr](mailto:oben-ahm@labri.fr)

**Résumé :** Les outils méthodologiques en indexation et classification des images par le contenu sont déjà assez matures et ce domaine s'ouvre vers les applications médicales. Dans nos travaux de recherche, on s'intéresse à l'indexation visuelle, à la recherche et à la classification des images cérébrales IRM par le contenu pour l'aide au diagnostic de la maladie d'Alzheimer (MA). L'idée principale est de donner au clinicien des informations sur les images ayant des caractéristiques visuelles similaires. Trois catégories de sujets sont à distinguer: sujets sains (NC), sujets à troubles cognitifs légers (MCI) et sujets atteints par la maladie d'Alzheimer (AD). Nous représentons l'atrophie cérébrale par la variation de signal dans des images IRM : IRM structurelle [1][2][3] et IRM de Tenseur de Diffusion (ITD) [4][5]. Cette tâche n'est pas triviale, alors on est concentré uniquement sur l'extraction et la quantification des caractéristiques à partir des régions impliquées dans la maladie d'Alzheimer et qui causent des changements particuliers dans la structure de cerveau : l'hippocampe le Cortex Cingulaire Postérieur. Cela permet de représenter l'atrophie cérébrale sous forme d'une signature visuelle spécifique à la MA. Plusieurs stratégies de fusion d'information (précoce et tardive)

sont appliquées pour renforcer les performances de système d'aide au diagnostic. Le système proposé est automatique (sans l'intervention de clinicien), ne nécessite pas une étape de segmentation grâce à l'utilisation d'un Atlas normalisé. Les résultats obtenus apportent une amélioration par rapport aux méthodes voxéliques et volumétriques traditionnelles pour de diagnostic de la MA en termes de précision de classification et de temps de traitement.

**Mots clés :** Alzheimer, indexation des images par le contenu, classification, IRM, ITD, aide au diagnostic

**Reference:**

[1] Olfa Ben Ahmed, Maxim Mizotin, Jenny Benois-Pineau, Chokri Ben Amar, Gwénaelle Catheline, and Michelle Allard, for the Alzheimer's disease Neuroimaging Initiative, "Alzheimer's disease diagnosis on structural MR Images using Circular Harmonic Functions descriptors on hippocampus and Posterior Cingulate Cortex", International journal Computerized Medical Imaging and Graphic, Elsevier 2015 , In Press

[2] Olfa ben Ahmed, Jenny Benois-Pineau, Chokri Ben Amar , Gwénaelle Catheline and Michelle Allard for the Alzheimer's disease Neuroimaging Initiative, "Classification of disease subjects using hippocampal visual features", International journal Multimedia Tools and Application 2014, page 1-18

[3] Olfa Ben Ahmed, Jenny Benois-Pineau, Michelle Allard, Chokri Ben Amar, Gwénaelle Catheline, "Alzheimer Disease detection on structural MRI" In Proceedings of ESMRMB 2013 Congress. 30th annual meeting, Toulouse France 2013

[4] Olfa Ben Ahmed, Jenny Benois-Pineau, Chokri Ben Amar, Michelle Allard, Gwénaelle Catheline, " features-based approach for Alzheimer's disease diagnosis using visual pattern of water diffusion in Tensor Diffusion Imaging,IEEE International Conference In Image Processing ICIP'2015, accepted for Publication

[5] Olfa Ben Ahmed Jenny Benois-Pineau, Chokri Ben Amar, Michelle Allard, Gwénaelle Catheline, "DTI retrieval for Alzheimer's disease diagnosis", In the IEEE 12th International Workshop on Content-Based Multimedia Indexing (CBMI), pages 1-6 Austria, 18-20 June 2014

---

## [14 :50] Classification du Cancer du Sein par les Systèmes Immunitaires Artificiels.

**Auteurs :** Rima DAOUDI, Khalifa DJEMAL

Laboratoire IBISC, Université d'Evry Val d'Essonne

40 rue du Pelvoux 91020 Evry, France [daoudi.ryma@gmail.com](mailto:daoudi.ryma@gmail.com)

**Résumé :** Le cancer du sein arrive dans le monde en première position en termes d'incidence et de mortalité parmi les différentes localisations cancéreuses chez les femmes. Malgré les avancées significatives faites ces dernières décennies en vue d'améliorer la gestion de ce type de cancer, des outils de diagnostic plus précis sont encore nécessaires pour aider les experts à lutter contre cette maladie mortelle. Dans ce cadre, des travaux de recherche considérables ont été réalisés dans l'espoir d'apporter de nouvelles perspectives pour l'amélioration des approches utilisées actuellement pour le diagnostic du cancer du sein. Beaucoup de travaux se sont dirigés vers la détection de la présence de tissus cancéreux dans le sein et la classification de tumeurs en utilisant différentes outils issus de l'intelligence artificielle, on compte parmi eux les Réseaux de Neurones Artificiels, les Séparateurs à Vaste Marge, les algorithmes génétiques, etc. Une autre approche d'intelligence artificielle inspirée par l'immunologie, a émergé au milieu des années 90, appelée Systèmes Immunitaires Artificiels (SIA). Inspirés par les principes et les fonctions du système immunitaire naturel, les SIA constituent un domaine de recherche qui comble les domaines de l'immunologie, de l'informatique et l'ingénierie. Nous nous intéressons dans cette présentation à l'utilisation des SIA pour la classification des cellules mammaires en Bénignes/Malignes. En effet, ces approches sont généralement basées sur deux processus : la reconnaissance de la forme de l'antigène et la sélection de l'anticorps spécifique à ce dernier. L'idée établie est que seuls les anticorps capables de reconnaître l'antigène sont sélectionnés pour les étapes de clonage et de mutation. Après avoir présenté le principe des SIA, nous présenterons un système de classification utilisant l'Algorithme CLONALG qui est un des algorithmes de base dans le domaine des SIA, avec des améliorations dans l'étape de sélection des cellules à cloner et à muter. On utilisera ensuite ces algorithmes pour optimiser le réseau de neurones Perceptron Multi-Couches (PMC) en termes de précision et de temps de convergence.

**Mots Clés :** Cancer du sein, Classification, Systèmes Immunitaires Artificiels, PMC, Clonage, Mutation.



## [15 :15] Automatic extraction and classification of tumor image features from multimodal MRI for prognosis predictive modeling in GBM

Auteurs : <sup>1,2,4</sup>Taman Upadhaya, <sup>1</sup>Yannick Morvan, <sup>2</sup>Eric Stindel, <sup>3</sup>Pierre-Jean Le Reste, <sup>2</sup>Mathieu Hatt

<sup>1</sup>bcom Institute of Research and Technologies, France

<sup>2</sup>LaTIM, INSERM, UMR 1101, Brest, France

<sup>3</sup>University Hospital Pontchaillou, Rennes, France

<sup>4</sup>University of Western Brittany, Brest, France

[taman.upadhaya@b-com.com](mailto:taman.upadhaya@b-com.com)

**Abstract:** Glioblastoma multiforme (GBM) is the most malignant grade IV primary intracranial tumor of adults, prognosis is poor with a median survival of 15 months while occurrence rate is two or three cases per 100,000 per year. Image-derived features (“radiomics”) could help in individualizing patient management in Glioblastoma Multiforme (GBM). Currently, simple geometric features of tumors (necrosis, edema, active tumor) and first-order statistics in Magnetic Resonance Imaging (MRI) are used in clinical practice. However, these features provide limited characterization power because they do not incorporate spatial information (within-tumor heterogeneity) and thus cannot differentiate patterns. The aim of this work is to develop and evaluate a methodological framework dedicated to the building a prognostic model based on heterogeneity textural features of multimodal MRI sequences (T1, T1-contrast, T2 and FLAIR) in GBM. The proposed workflow consists in: i) registering the available 3D multimodal MR images and segmenting the tumor volume based on multimodal MR images, ii) extracting 34 image features quantifying local, regional and global scale heterogeneity from delineated tumor volumes iii) and exploiting pattern recognition and machine learning for building a prognostic model using Support Vector Machine (SVM) by selecting, ranking and combining optimal features. This framework was applied to 40 histologically proven GBM patients with the endpoint being overall survival (OS) classified as a binary variable : short ( $\leq 15$  months) or long ( $> 15$  months) OS. Two different prognostic model using contextual clinical variable such as age, gender, karnofsky and treatment modality (radiotherapy, chemotherapy and surgery), and image-derived features from monomodal and multimodal MRI were build. The model built using contextual clinical variables only reached limited accuracy of 58%. Image-derived feature were superior regarding prognostic value. The models combining two features from T1 pre-contrast and four features from T1 post-contrast sequences achieved a high accuracy of 90% (sensitivity 85%, specificity 95%) using leave-one-out cross-validation (LOOCV). Our results suggest that using multivariate methods such as SVM with the combination of global, regional and local textural features quantifying heterogeneity in MR modalities available in routine clinical acquisitions can provide strong prognostic value. Future work will focus in: i) validating the results using separate training and testing groups ii) considering additional features to improve the proposed model, iii) building a fully multimodal MRI model by combining features from more than two sequences, and iv) building and comparing models with various other machine learning based classifier techniques such as random forest or artificial neural network.

## [16 :00] Real-Time Tracking of Polyps For Computer-Assisted Colonoscopy

Auteurs : Q. Angermann<sup>1</sup>, A. Histace<sup>1</sup>, O. Romain<sup>1</sup>, X. Dray<sup>1,2</sup>, P. Marteau<sup>1,2</sup>

<sup>1</sup>ETIS, ENSEA, Université de Cergy-Pontoise, CNRS, Cergy, France

<sup>2</sup>Hôpital Lariboisière, APHP, Université Paris 7, Paris, France

[aymeric.histace@u-cergy.fr](mailto:aymeric.histace@u-cergy.fr)

**Abstract :** Colorectal cancer (CRC) is one of the deadliest diseases in developed countries with a fatal outcome in 43% of cases. The most efficient way to reduce the mortality of CRC is to early detect and remove preneoplastic lesions (polyps). Currently, colonoscopy is the gold standard technique for detection and removal of those lesions. But even experienced endoscopists can miss polyps as shown in a recent study (between 2% and 26% of polyps). This can be explained by technical limitations of videocolonoscopes (field of view, camera orientation, etc.), but also by human factors such as the

number of exams already performed in the day, or the fact that one or more endoscopists are present during the exam. As a consequence Computer-Aided Detection appears as a natural tool to improve the polyp detection rate and to minimize the inter/intra endoscopists detection rate variability. One of the main issues here is in the necessity to develop such algorithms that are in accordance with a real-time computer-aided-detection (40ms max per image for a standard 24-frames-per-second (fps) video acquisition) in order not to modify the usual clinical workflow of a videocolonoscopy. Real time tracking of polyps will assist endoscopists by detecting regions of interest with a sufficient similarity level when compared to usual polyps. In this talk, a method for real-time tracking of polyps using a boosting-based approach on texture feature will be presented and illustrated by results obtained on frames and videos extracted from full colonoscopy acquisitions in order to assess both processing time and detection performance.

## **[16 : 25] Cancer Therapy Outcome Prediction based on Dempster-Shafer Theory and PET Imaging**

**Auteurs :** Chunfeng Lian, Su Ruan, Thierry Denoeux, Pierre Vera

Laboratoire LITIS(EA 4108), Equipe Quantif, Université de Rouen [chunfeng.lian@gmail.com](mailto:chunfeng.lian@gmail.com)

**Abstract:** As a pivotal task in cancer therapy, outcome prediction is the foundation for tailoring and adapting a treatment planning. Since FDG-PET imaging has been proven to be informative for pathologic response of a treatment in several cancers, in this presentation, we introduce how to use FDG-PET image features and clinical characteristics for outcome prediction. Considering that both information sources are imprecise or noisy, a novel prediction model based on Dempster-Shafer Theory (DST) is developed. Based on DST, a specific cost function with sparsity constraint is developed to search for a feature subset that leads to increasing prediction performance and decreasing data imprecision simultaneously. The proposed method was applied to several real datasets and two clinical datasets concerning to lung tumor and esophageal tumor, showing good performance.

## **[16 : 50] Unsupervised clustering under local constraints of dynamics using multiple equivalence tests**

**Auteurs :** F. Liu, Y. Rozenholc and C-A. Cuénod

Université Paris Descartes, MAP5 [fuchen.liu@parisdescartes.fr](mailto:fuchen.liu@parisdescartes.fr)

**Abstract:** Perfusion imaging plays an important role in studying tumor microvasculature that undergoes disturbances from abnormal angiogenesis during tumor growth. With the dynamic information related to the injection of a contrast agent bolus, it is possible to build biomarkers for diagnostic, prognosis or treatment monitoring when using anti-angiogenic drugs. However, perfusion imaging suffers from high noise level, hence it is necessary to improve the signal to noise ratio, by constructing for example regions of interest (ROI) in which dynamic information is averaged. Acquired manually or automatically with unsuitable tools, these ROIs are currently suffering from a lack of homogeneity or a loss of dynamical information. We propose to address these issues through an unsupervised clustering that preserves the dynamics and provides a controllable level of homogeneity. Our method is based on multi-resolution equivalence test, adapted to the dynamic structure, and on a dendrogram-like iterative algorithm that takes into account image specificities. The iterative construction is stopped automatically with the control of Type I and Type II errors permitting an automatic choice of the number of clusters.

**Keywords:** Perfusion imaging; Equivalence test; Unsupervised clustering, ROI, Biomarker.

## **[17 :15] Table ronde**