

MODELES ET ALGORITHMES POUR LES SCIENCES DU VIVANT

Plusieurs équipes de nos laboratoires ont développé des coopérations et des applications de leurs travaux de recherche en sciences du vivant: citons par exemple l'imagerie numérique et les neurosciences computationnelles pour le diagnostic et le traitement des maladies du cerveau ; la gestion des connaissances, l'aide à la décision et l'optimisation des techniques de soin en cancérologie, mais plus largement pour gérer la distribution de connaissances et de données médicales de façon sûre et confidentielle; les assistants intelligents pour la télésurveillance de dialysés à domicile, la surveillance des personnes âgées et la prévention des chutes, l'aide au diagnostic en neurologie, l'analyse d'images multi modalités en cardiologie et en cancérologie, le recalage d'images 2D et 3D en radiothérapie et en endoscopie de fluorescence, la compression d'images médicales 3D, la pharmacocinétique.

Citons également :

- la réalité augmentée et la reconstruction 3D à partir de plusieurs modalités en imagerie médicale (équipe MAGRIT du LORIA, mais voir aussi travaux proches au CRAN),
- l'application de nos travaux sur l'apprentissage statistique dans le traitement des séquences biologiques (ADN, ARN et protéines) (équipe ABC du LORIA, à rapprocher des bio statistiques développées à l'IECL)
- la fouille de données et l'extraction de connaissances sur grande bases dans des domaines tels que la cancérologie, l'agronomie ou la pharmacovigilance (équipe Orpailleur du LORIA).

La cancérologie constitue un domaine d'étude privilégié (notamment par la présence de chercheurs du Centre Alexis Vautrin au sein du CRAN) et plus particulièrement la recherche de nouveaux moyens de détection des cancers en phase précoce et d'amélioration de l'efficacité des traitements par radiothérapie et par photochimiothérapie (PDT). Pour ces deux sujets, la biologie et l'imagerie médicale sont au coeur de la problématique scientifique.

Plusieurs de ces questions conduisent à des collaborations croisées entre nos laboratoires :

- L'analyse pharmacocinétique de la vitesse d'incorporation intracellulaire des molécules photo activables. Ce sujet est né après quelques réunions d'un groupe de travail pluridisciplinaire associant des chercheurs du CRAN et de l'équipe probabilités-statistique de l'IECL. Il a déjà donné lieu à une publication acceptée et une autre soumise.
- l'analyse des signaux cérébraux de patients épileptiques. Ces questions font appel à des techniques de traitement probabiliste du signal. Elles associent des chercheurs du CRAN et de l'équipe probabilités-statistique de l'IECL.

- La modélisation des interactions lumière-tissu biologiques (parcours aléatoire de photons). La collaboration entre les chercheurs de l'équipe IPS du CRAN et ceux de l'équipe probabilités-statistique de l'IECL vise à développer une méthode de simulation statistique optimisée pour pallier certaines difficultés dans le processus d'identification des paramètres optiques de modèles stratifiés de tissus.

Publications les plus significatives :

1. T. Bastogne (Cran), S. Mézières-Wantz (Iecn), N. Ramdani (Paris 12), P. Vallois (Iecn), M. Barberi-Heyob (Cran), Parameter estimation of pharmacokinetics models in the presence of timing noise, à paraître in *European Control Conference 2007*.
2. A. Coulet, M. Smail-Tabbone, P. Benlian, A. Napoli, and M-D. Devignes. SNP-Converter: an Ontology-Based Solution to Reconcile Heterogeneous SNP Descriptions for Pharmacogenomic Studies. In Proceedings of the third International Workshop on Data Integration in the Life Sciences 2006, Hinxton, UK (DILS'06), LNCS 4075, pages 82--93, Berlin, 2006. Springer.
3. C. Germain (Paris 11), V. Breton (Clermont-Ferrand), P. Clarysse (Lyon), Y. Gaudeau (Cran), T. Glatard (Lyon), E. Jeannot (Loria), Y. Legré (Paris 11), C. Loomis (Paris 11), J. Montagnat (Sophia), J.-M. Moureaux (Cran), A. Osorio (Paris 6), X. Pennec (Sophia), R. Texier (Paris 11), Grid-enabling medical image analysis, *Journal of Clinical Monitoring and Computing - Cluster Computing and Grid 2005 (CCGrid05) Bio-Medical Computations on the Grid (Bio-Grid)*, Cardiff : Royaume-Uni (2005).
4. Gorges S., Kerrien E., Berger M.-O., Troussset Y., Pescatore J., Anxionnat R., and Picard L. Model of a vascular c-arm for 3d augmented fluoroscopy in interventional radiology. In 8th International Conference on Medical Image Computing and Computer Assisted Intervention- MICCAI'05, 10/2005, volume 3750, pages 214-222, Palm Springs, USA, 2005. Springer.
5. A. Henrot (Iecn), Y. Privat (Iecn), Shape minimization of dendritic attenuation, à paraître in *Applied Mathematics and Optimization 2007*.
6. A. Iggidr (Lmam), J.C. Kamgang (Cameroun), G. Sallet (Lmam), and J.J.Tewa (Lmam), Global analysis of new malaria intra-host models, with a competitive exclusion principle, *SIAM J. Appl. Math.*, **67** (2006), 260-278.
7. R. Miranda (Cran), Ch. Daul (Cran), W. Blondel (Cran), Y. Hernandez-Mier (Cran), D. Wolf (Cran), Mosaicing of bladder endoscopic image sequences : distortion, calibration and registration algorithm, *IEEE Transactions on Biomedical Engineering*, (in press), novembre 2007.
8. S. El Khatib (Cran/CAV), S. Berrahmoune (Cran/CAV), A. Leroux (CAV), L. Bezdetnaya (Cran/CAV), F. Guillemin (Cran/CAV), MA. D'Hallewin (Cran/CAV). A, Novel Orthotopic Bladder Tumor Model with Predictable Localization of a Solitary Tumor, *Cancer biology & therapy*, **5** :1327-31, octobre 2006.
9. R. Ranta (Cran), V. Louis Dorr (Cran), Ch. Heinrich (LSIIT), D. Wolf (Cran), Iterative wavelet-based denoising methods and robust outlier detection, *IEEE Signal Processing Letters*, **12** (8):557-560, 2005.
10. N. Sapay, Y. Guermeur (LORIA), and G. Deléage. Prediction of amphipathic in-plane membrane anchors in monotopic proteins using a SVM classifier. *BMC Bioinformatics*, 7(255), 2006.

11. V. Louis Dorr (Cran), M. Caparos (Cran), F. Wendling (LTSI), J.P. Vignal (CHU-Nancy), D. Wolf (Cran), Extraction of reproducible seizure patterns in scalp EEG, *Biomedical signal processing and control* (IFAC), à paraître, 2007.