MAIA : l'IA au service de la santé

Trois missions de la cellule R&D

Jeudi 22 octobre 2026

IA^2 2026 – Institut d'Automne en Intelligence Artificielle
Le Touquet-Paris-Plage, France
CRIL, Université d'Artois & CNRS

Nicolas SZCZEPANSKI

La santé dans la cellule R&D MAIA

Trois missions, trois types de données, un même défi : **peu de données annotées**

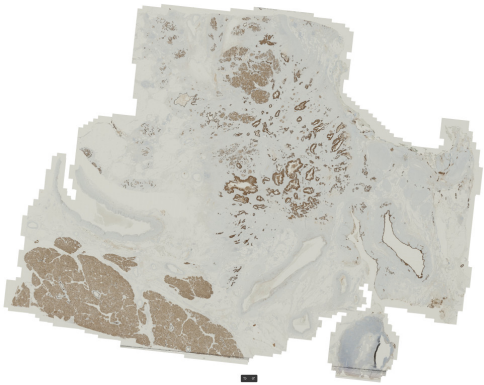
Mission	Partenaires	Données	Tâche IA
TransMAG	CRCLille, UPJV	Lames d'histologie (pancréas)	Segmentation
Lithiase urinaire	CHU Amiens-Picardie	Cohortes de patients, scanners	Prédiction + explication
Histologie rénale	LBTI (CNRS, Lyon 1), CHU Amiens	Microscopie (rein de souris)	Détection + comptage

- Des demandeurs d'IA (médecins, biologistes) et des experts en IA (CRIL)
- Un appel à missions d'ingénierie ouvert au fil de l'eau

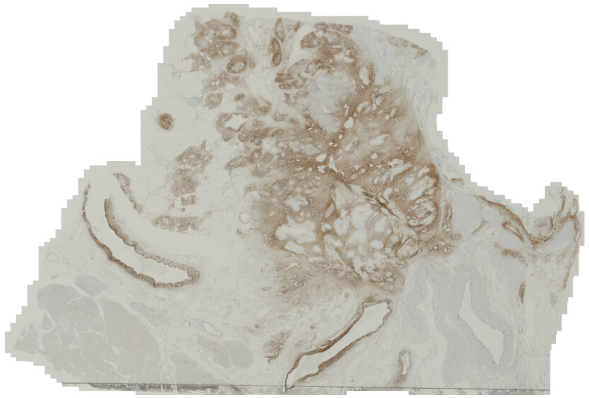
TransMAG

TransMAG : cancer du pancréas

avec I. Dhennin, P.-M. Fayette, M. Gautier, L. Noe, M. Samy Modeliar et N. Szczepanski



CKAE1



Périostine

467 000
décès dans le monde (2022)

11 456
décès en France (2018)

11 %
de survie à 5 ans

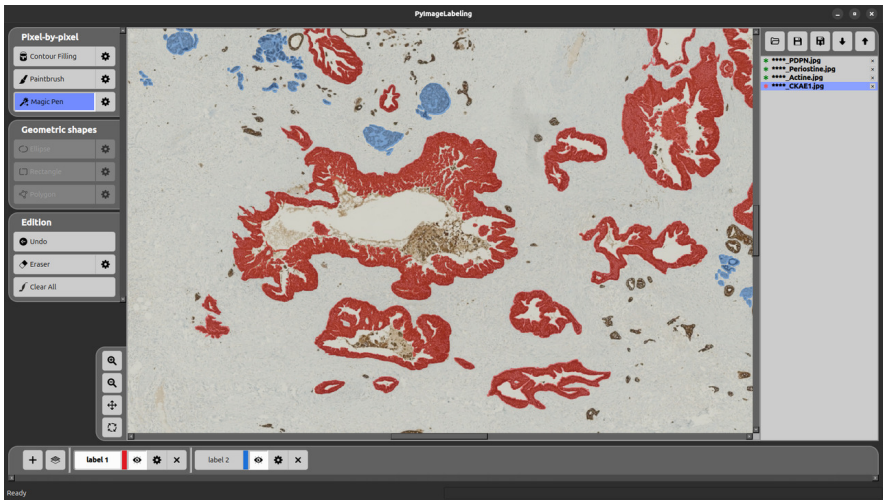
- Adénocarcinome canalaire pancréatique, 4 marquages : **CKAE1**, **Actine**, **Périostine**, **PDPN**
- IA : détecter les **structures tumorales**, comme le fait l'**anatomopathologiste**
- **Thèse MAIA en cours** : L. Noe (doctorante)

Objectif : aider à élaborer un **marqueur plus performant**

Sources : GLOBOCAN 2022 ; Santé publique France (décès 2018, survie des diagnostics de 2010 à 2015).

TransMAG : annotation des lames

avec I. Dhennin, P.-M. Fayette, M. Gautier, L. Noe, M. Samy Modeliar et N. Szczepanski



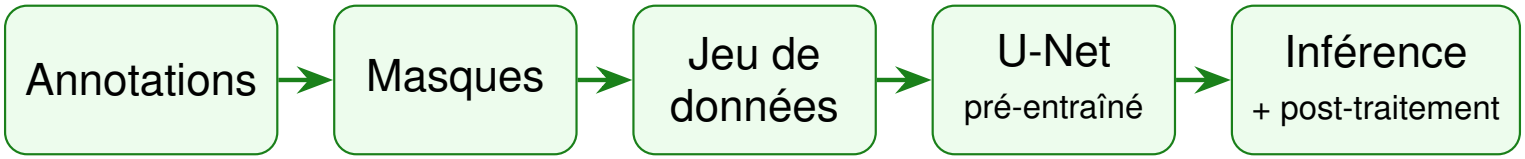
Annotation pixel par pixel avec PyImageLabeling (L. Noe)

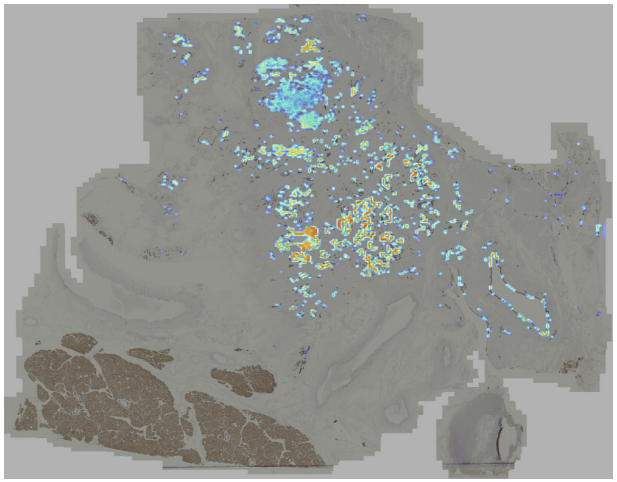
- 5 classes : cellules épithéliales normales ou cancéreuses, 3 types de fibroblastes
- 7 patients annotés (4 lames chacun), 21 nouveaux scannés
- Plusieurs jours pour certaines lames

L'annotation par l'expert est **l'étape la plus longue** du projet

TransMAG : modèle et résultats

avec I. Dhennin, P.-M. Fayette, M. Gautier, L. Noe, M. Samy Modeliar et N. Szczepanski





Zones tumorales prédites

- Un seul U-Net pour les 4 marqueurs, qui identifie aussi le marqueur
- Par pixel : tumoral, non tumoral, inconnu, fond
- **81 %** de la tumeur détectée, précision de **61 %**
- 12 lames d'entraînement, 6 lames de test inédites

Prometteur : **nouveaux entraînements en cours** sur 7 patients

Lithiase urinaire

Lithiase urinaire : contexte

avec G. Audemard, N. Boumanjal, F. Brazier, D. Eladari, M. Konarski et N. Szczepanski

$>$ **10 %**	**67 %**	$>$ **160 M€**
de la population mondiale	de récidive à 5 ans	d'hospitalisations en France (2009)

- Maladie rénale la plus fréquente : des calculs se forment dans les reins
- Coliques néphrétiques, interventions urologiques, comorbidités
- EAU 2026 : **aucun modèle de prédiction validé de façon externe**

Prédire, pour chaque patient, le risque de **forme sévère** (récidive, complication, chirurgie)

Sources : Vera-Ponce *et al.*, Front Urol 2025 ; D'Costa *et al.*, JASN 2019 ; recommandations EAU 2026.

Lithiase urinaire : les données

avec G. Audemard, N. Boumanjal, F. Brazier, D. Eladari, M. Konarski et N. Szczepanski

PreciLITH (Picardie)

1 369 patients, depuis 2021

Lithogen (La Réunion)

730 patients, 2017–2019

- **600 paramètres** (alimentation, biologie, calculs, . . .) et des scanners
- Seuls 250 sont renseignés pour plus de la moitié des patients

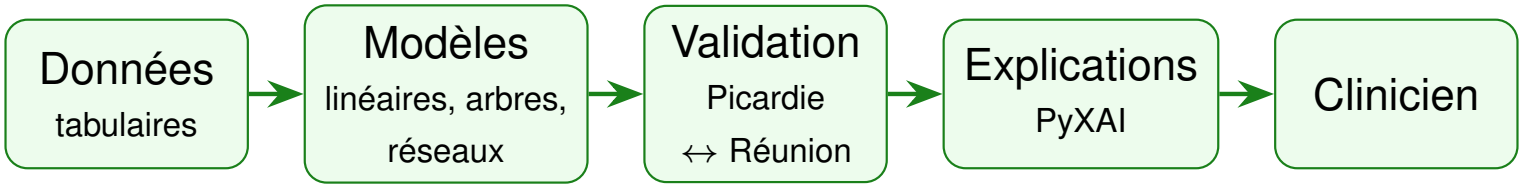
Patient	Âge	IMC	Diurèse (L/j)	Calcium urinaire	Forme sévère ?
P01	34	24,1	1,8	NA	oui
P02	61	31,5	NA	4,2	non
P03	47	NA	2,6	2,9	**?**

Valeurs fictives pour illustrer la structure des données

Stage M2 (2026) : nettoyage des données et **6 profils de patients** identifiés par clustering

Lithiase urinaire : une IA explicable

avec G. Audemard, N. Boumanjal, F. Brazier, D. Eladari, M. Konarski et N. Szczepanski



- **PyXAI** (CRIL) : explications **correctes par construction**, contrairement à LIME ou SHAP
- *« Ces caractéristiques du patient suffisent à garantir la prédiction »*
- Explications contrastives sur les facteurs modifiables (alimentation, diurèse) pour orienter la prévention
- Ensuite : scanners (CNN) sur la plateforme de santé sécurisée

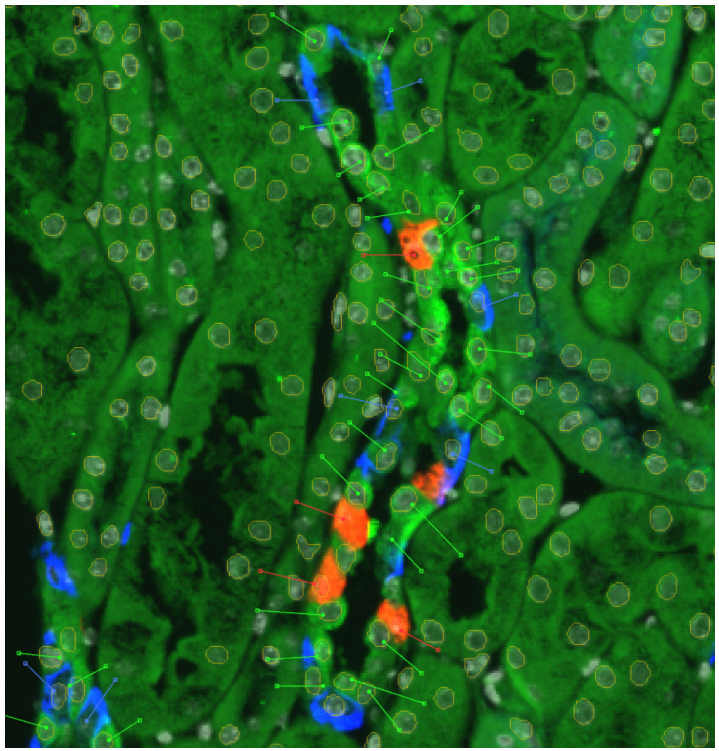
Objectif : une stratification du risque **fiable et explicable**

Histologie rénale

Histologie rénale : compter les cellules

avec F. Brazier, P.-M. Fayette, N. Picard et N. Szczepanski

Compter les cellules et leurs marquages (rein de souris)



Noyaux détectés (en jaune) et annotations du biologiste (traits)

- But : mesurer l'effet de l'alimentation sur le nombre de chaque type de cellules
- 4 canaux : **DAPI** (noyaux), **AQP2**, **Tomato**, **AE1**
- Une lame : 7 465 $\times$ 8 192 pixels
- 1 179 cellules annotées à la main
- **Pipeline** : détecter les noyaux, classer chacun (un ou plusieurs marquages), puis compter

Histologie rénale : détecter les noyaux

avec F. Brazier, P.-M. Fayette, N. Picard et N. Szczepanski

Score : part des cellules annotées qui tombent dans un noyau détecté

Méthode	Bibliothèque	Noyaux	Annotées	Temps
Seuil global (Otsu)	OpenCV	38 830	58,9 %	2,2 s
Seuil local par tuile	OpenCV	39 909	63,4 %	2,3 s
Seuil adaptatif gaussien	OpenCV	46 427	**71,8 %**	**3,5 s**
Colorimétrique (4 canaux)	OpenCV	22 045	24,4 %	1,6 s
Cellpose (réseau de neurones)	Cellpose (PyTorch)	60 329	**70,7 %**	164,3 s

Une méthode simple fait aussi bien que le réseau de neurones,
47 fois plus vite

- 30 % des cellules annotées non détectées : signal faible ou erreur d'annotation
- Ensuite : classer chaque noyau, avec un classifieur par canal

Conclusion

À retenir

- Le premier verrou, ce sont **les données** : quantité, qualité, annotation
- Tester une méthode simple avant le deep learning
- En santé, il faut pouvoir **expliquer** chaque prédiction
- Les outils de la cellule R&D naissent de ces besoins





Démos à 16 h 15

Parlez-nous de votre projet !