

# Application BASTRI

## Fiches Equipes

### MORPHEME (SR0473OR)

Morphologie et Images

ARIANA (SR0155IR) □ MORPHEME □ MORPHEME (SR0587XR)

**Statut:** Terminée

**Responsable :** Xavier Descombes

**Mots-clés de "A - Thèmes de recherche en Sciences du numérique - 2024" :** *Aucun mot-clé.*

**Mots-clés de "B - Autres sciences et domaines d'application - 2024" :** *Aucun mot-clé.*

**Domaine :** STIC pour les sciences de la vie et de l'environnement  
**Thème :** Biologie numérique et bioinformatique

**Période :** 01/09/2011 -> 01/07/2013

**Dates d'évaluation :**

**Etablissement(s) de rattachement :** CNRS, U. NICE SOPHIA ANTIPOLIS (UNS)  
**Laboratoire(s) partenaire(s) :** <sans UMR>

**CRI :** Centre Inria d'Université Côte d'Azur

**Localisation :** Laboratoire I3S - Algorithmes - Sophia Antipolis  
**Code structure Inria :** 041137-0

**Numéro RNSR :** 201120999G

**N° de structure Inria:** SR0473OR

### Présentation

Les objectifs scientifiques de MORPHEME sont la caractérisation et la modélisation du développement et des propriétés morphologiques de structures biologiques allant de l'échelle cellulaire à l'échelle supra-cellulaire. A la frontière entre informatique, mathématiques appliquées et biologie, notre ambition est de comprendre les changements morphologiques qui apparaissent durant le développement en combinant imagerie in vivo, analyse d'image et modélisation numérique. La morphologie et la topologie des structures mésoscopiques ont en effet une influence majeure sur les aspects fonctionnels des organes. Notre ambition est de caractériser différentes populations ou différentes conditions de développement à partir de la forme des structures cellulaires ou supra-cellulaires, ce qui inclue les réseaux micro-vasculaires, ou les réseaux dendritiques et axonaux. A partir d'images 2D, 2D+t, 3D ou 3D+t (obtenues par microscopie confocale, bi-photon, vidéo-microscopie ou micro-tomographie), nous nous attachons à extraire des paramètres quantitatifs pour caractériser la morphométrie dans différents échantillons et son évolution au cours du temps. Nous analysons ensuite statistiquement les formes et les structures complexes pour identifier des marqueurs significatifs et des outils de classification. Pour finir, nous proposons des modèles explicatifs de l'évolution temporelle des échantillons observés. Nous espérons ainsi mieux comprendre le développement des tissus dans un contexte normal mais aussi caractériser, à un niveau supra-cellulaire, différentes pathologies telles que Alzheimer, le diabète ou le syndrome X-fragile.

### Axes de recherche

Formation des images : cela inclut i) la définition des populations étudiées (conditions expérimentales) et la préparation des échantillons pour la question biologique étudiée, ii) l'optimisation des protocoles d'acquisition et la définition des caractéristiques quantitatives mesurées, iii) la reconstruction et la restauration des données initiales pour améliorer leur qualité et leur interprétabilité. Extraction de marqueurs : cela consiste à détecter et extraire les structures biologiques d'intérêt à partir des images. Pour ce faire, des modèles biologiques définis a priori doivent permettre d'améliorer la détection et la caractérisation des structures. Les deux défis principaux concernent la variabilité des structures biologiques et la taille importante des données. Classification/Interprétation : à partir d'une base de données contenant différentes populations, nous pouvons estimer les paramètres d'un modèle pour chaque donnée ou image à partir de laquelle la structure biologique étudiée a été extraite. Nous pouvons alors définir des schémas de classification pour caractériser les différentes populations à partir de ces paramètres ou d'une métrique spécifique aux structures étudiées. Cette caractérisation fournira des

### Contact

- **Responsable :** Xavier Descombes
- **Tél :** 04.92.94.27.28
- **Secrétariat Tél :** 04.92.38.78.57

### En savoir plus

- Site sur [inria.fr](http://inria.fr)
- Derniers Rapports d'Activité : [2016](#), [2017](#), [2018](#), [2019](#), [2020](#), [2021](#), [2022](#), [2023](#)

### Documents sur la structure

- [Intranet](#)
- [Privés](#)

### Décisions

- **8126** (01/09/2011) : création
- **8867** (29/08/2012) : prolongation
- **9045** (02/01/2013) : prolongation
- **9544** (24/07/2013) : fermeture

### Localisation

- **Adresse postale :** Laboratoire I3S - Algorithmes 2000, route des Lucioles - Les Algorithmes bât. Euclide B - BP 121 06903 Sophia Antipolis Cedex France
- **Coordonnées GPS :** 43.616177, 7.066453

informations biologiques définissant les différentes populations. Modélisation : Deux aspects seront considérés. Le premier consiste à modéliser des phénomènes biologiques comme la croissance axonale ou la topologie de réseaux (neuronaux, vasculaires) dans différents contextes. Un de nos atouts réside dans la possible calibration et/ou validation des modèles par les informations extraites des images. Le second aspect concerne l'utilisation de modèles, biologiquement pertinents, pour l'extraction de l'information des images.

### Relations industrielles et internationales

Principaux partenaires nationaux : CerCo, Toulouse IMFT, Toulouse Laboratoire JA Dieudonné Institut Pasteur Paris Université Marne la vallée Principaux partenaires internationaux : Lab. Dobrushin, IITP, Moscow Institut Weizmann Israel