

*Deutsche Version (siehe unten)**Version française (ci-dessous)***Lay Summary**

Project title	Standardized Pipelines for the Accelerated Transfer of Advanced Imaging Software to Clinics
Main applicant	Prof. Michael Unser, EPFL
Consortium	EPFL / EPFL Center for Imaging
Short Summary	Most learning-based algorithms developed for clinical imaging are too demanding in terms of technical expertise to be deployed routinely in clinics. Hence, the development of standard approaches to these advanced algorithms is a foundational work of obvious importance. It is also an essential first step towards the integration of patients' images with other "-omics" data. In this project, we shall design pipelines that simplify the access to automated digital imaging tools, hence helping to further spread their use in clinical settings. In parallel, we shall carry out two concrete research projects in collaboration with several clinical partners in Western Switzerland. We shall consider applications at both the microscopic scale (digital pathology) and the macroscopic scale (MRI), hence addressing two different yet complementary clinical needs.
Background	Clinical imaging is undergoing a revolution with the apparition of new learning-based algorithms that significantly improve the quality of reconstruction and facilitate the quantitative analysis of patient images. Yet, most machine-learning (ML) tools are developed using dedicated software frameworks (e.g., TensorFlow, PyTorch) that are still far too complex to handle for the medical community at large. This technical barrier hinders the transfer of advanced imaging software to clinicians, potentially adversely impacting their ability to fully exploit patients' data and diagnose pathologies.
Goal	In our quest for an accelerated deployment of imaging software technology in clinics, the goal of this project is twofold. First, we shall design standardized pipelines that allow clinicians to routinely, intuitively, and robustly use automated algorithms for the analysis of their patients' images. Second, we shall address two concrete research questions of clinical relevance – in digital pathology and MRI brain imaging – for which new advanced ML-based image-analysis algorithms are needed.
Significance	The project addresses pressing needs for the standardized pipelines that facilitate the transfer and usage of novel image-analysis tools in clinical settings. By increasing the speed at which imaging software technology is brought to the Swiss clinical world, these pipelines should ultimately catalyze the research on personalized medicine



	<p>and facilitate the everyday analysis of patients' data. In addition, innovative advanced image-analysis methods that address open questions in two major fields of clinical research—digital pathology and MRI brain imaging—will be developed throughout the project. Finally, all the algorithms developed throughout the project (and more) will be made available to the clinical community at large through the DeepImageJ plugin, hence enriching the practitioners' toolkit of automated methods.</p>
--	---

**Deutsch**

Projekttitle	Standardisierte Pipelines für den beschleunigten Datentransfer fortschrittlicher Bildgebungssoftware in Kliniken
Hauptgesuchsteller	Prof. Michael Unser, EPFL
Konsortium	EPFL / EPFL Center for Imaging
Kurzzusammenfassung	Die meisten lernbasierten Algorithmen, die für die klinische Bildgebung entwickelt wurden, sind für den routinemässigen Einsatz in Kliniken technisch zu anspruchsvoll. Aus diesem Grund ist die Entwicklung von standardisierten Ansätzen für solche fortschrittlichen Algorithmen von offensichtlicher Bedeutung und überdies ein wichtiger erster Schritt zur Integration von Patientenbildern mit anderen –omics-Daten. In diesem Projekt werden wir Pipelines entwerfen, die den Zugang zu automatisierten digitalen Bildgebungswerkzeugen vereinfachen, und so dazu beitragen, deren Einsatz im klinischen Umfeld weiterzuverbreiten. Parallel dazu werden wir zwei konkrete Forschungsprojekte in Zusammenarbeit mit mehreren klinischen Partnern in der Westschweiz durchführen. Wir werden sowohl Anwendungen im mikroskopischen Bereich (digitale Pathologie) als auch im makroskopischen Bereich (MRI) in Betracht ziehen und damit zwei unterschiedliche, aber komplementäre klinische Bedürfnisse adressieren.
Hintergrund	Die klinische Bildgebung erfährt mit dem Aufkommen neuer lernbasierter Algorithmen, welche die Qualität der Rekonstruktion verbessern und die quantitative Analyse von Patientenbildern erleichtern, eine Revolution. Die meisten Machine-Learning (ML)-Tools werden jedoch mit speziellen Software-Frameworks (z.B. TensorFlow, PyTorch) entwickelt, die für die breite medizinische Gemeinschaft zu komplex sind. Diese technische Barriere behindert die Weitergabe fortschrittlicher Bildgebungssoftware an Kliniken, was sich potenziell negativ auf deren Fähigkeit auswirkt, die Patientendaten vollständig zu nutzen und Pathologien zu diagnostizieren.
Ziel	Ausgehend von unserem Bestreben nach einem beschleunigten Einsatz von Bildgebungssoftware-Technologien in Kliniken verfolgt dieses Projekt zwei Ziele: Erstens werden wir standardisierte Pipelines entwickeln, die es Klinikern ermöglichen, automatisierte Algorithmen für die Analyse der Bilder ihrer Patienten routinemässig, intuitiv und robust zu nutzen. Zweitens werden wir zwei konkrete Forschungsfragen von klinischer Relevanz – in der digitalen Pathologie und der MRT-Gehirnbildgebung – angehen, für die neue fortschrittliche ML-basierte Bildanalyse-Algorithmen benötigt werden.



Bedeutung	<p>Dieses Projekt adressiert den dringenden Bedarf an standardisierten Pipelines, die den Transfer und die Nutzung neuartiger Bildanalyse-Tools im klinischen Umfeld erleichtern. Indem sie die Geschwindigkeit erhöhen, mit der bildgebende Softwaretechnologie in die Schweizer Klinikwelt gebracht wird, sollen diese Pipelines letztlich die Forschung zur personalisierten Medizin katalysieren und die alltägliche Analyse von Patientendaten erleichtern. Darüber hinaus werden im Rahmen des Projekts innovative, fortschrittliche Bildanalysemethoden entwickelt, die offene Fragen in zwei wichtigen Bereichen der klinischen Forschung - digitale Pathologie und MRT-Gehirnbildgebung - adressieren. Schließlich werden alle im Rahmen des Projekts entwickelten Algorithmen (und mehr) der gesamten klinischen Gemeinschaft über das DeepImageJ-Plugin zur Verfügung gestellt und bereichern so den Werkzeugkasten der automatisierten Methoden für Praktiker.</p>
------------------	--

**Français**

Titre du projet	Pipelines standardisés pour un transfert accéléré de logiciels d'imagerie avancés vers les cliniques
Requérant principal	Prof. Michael Unser, EPFL
Consortium	EPFL / Center d'imagerie de l'EPFL
Résumé	<p>La plupart des algorithmes intelligents développés pour l'imagerie clinique requièrent une expertise technique trop importante pour être déployés de manière routinière dans les cliniques. Le développement d'approches standardisées qui facilitent l'utilisation de ces algorithmes avancés est donc un travail d'une importance évidente. C'est aussi une première étape essentielle vers l'intégration des images des patients avec d'autres types de données « -omiques ». Dans ce projet, nous allons concevoir des pipelines qui simplifient l'accès aux outils d'imagerie numérique automatisés, contribuant ainsi à davantage étendre leur utilisation dans les milieux cliniques. En parallèle, nous mènerons deux projets de recherche concrets en collaboration avec plusieurs partenaires cliniques de Suisse romande. Nous aborderons des applications à la fois à l'échelle microscopique (pathologie numérique) et à l'échelle macroscopique (IRM), répondant ainsi à deux besoins cliniques différents mais complémentaires.</p>
Contexte	<p>L'imagerie clinique est en pleine révolution avec l'apparition de nouveaux algorithmes basés sur l'apprentissage qui améliorent significativement la qualité de la reconstruction et facilitent l'analyse quantitative des images des patients. Pourtant, la plupart des outils d'apprentissage automatique (ML) sont développés à l'aide de logiciels dédiés (par exemple, TensorFlow, PyTorch) qui sont encore beaucoup trop complexes à utiliser pour la communauté médicale dans son ensemble. Cette barrière technique entrave le transfert de logiciels d'imagerie avancés vers les cliniciens/ennes, ce qui peut avoir un impact négatif sur leur capacité à exploiter pleinement les données des patients et à diagnostiquer les pathologies.</p>
But	<p>Dans notre quête d'un déploiement accéléré des logiciels d'imagerie dans les cliniques, l'objectif de ce projet est double. Tout d'abord, nous allons concevoir des pipelines standardisés qui permettent aux cliniciens/ennes d'utiliser de manière routinière, intuitive et robuste des algorithmes automatisés pour l'analyse des images de leurs patients. Deuxièmement, nous aborderons deux questions de recherche concrètes d'importance clinique - en</p>



	pathologie numérique et en imagerie cérébrale IRM - pour lesquelles de nouveaux algorithmes avancés d'analyse d'images basés sur l'intelligence artificielle sont nécessaires.
Importance	<p>Ce projet répond au besoin urgent de pipelines standardisés qui facilitent le transfert et l'utilisation de nouveaux outils d'analyse d'images en milieu clinique. En accélérant l'introduction de ces logiciels d'imagerie dans le monde clinique suisse, ces pipelines devraient à terme catalyser la recherche sur la médecine personnalisée et faciliter l'analyse quotidienne des données des patients. En outre, des méthodes innovantes d'analyse d'images avancées qui répondent à des questions ouvertes dans deux domaines majeurs de la recherche clinique, la pathologie numérique et l'imagerie cérébrale IRM, seront développées tout au long du projet. Enfin, tous les algorithmes développés durant le projet seront mis à disposition de la communauté clinique dans son ensemble via le plugin DeepImageJ, enrichissant ainsi la boîte à outils des praticiens/ennes.</p>