

# Pathology Toolbox — Guide utilisateur

---

Version simple à lancer, sans installation, sans demande administrateur et hors-ligne.

## Plateforme et limitations (actuellement)

- Windows 10/11 uniquement.
- macOS non supporté pour l'instant.
- Formats de lames : priorité aux fichiers `.ndpi`. Les `.dcm` sont pris en charge de manière expérimentale et sont beaucoup plus lents pour le moment. Améliorations prévues.
- Marqueurs analysés : s'applique à tous les marqueurs.

## Matériel conseillé

- Au moins 8 Go de RAM (16 Go recommandé) – Le temps de réalisation du pipeline complet est estimé à une dizaine de minutes.
- Espace disque libre d'environ 10 Go.
- Utilisation d'un SSD vivement conseillée.
- Aucune connexion Internet requise. Les données restent locales.

## Démarrage

- Dézipper le dossier `PathologyToolbox` sur votre bureau (à ne pas laisser sur le disque).
- Lancer `lancer\_toolbox.bat` (double-clique)
- Option avancée : exécuter `mainGUI.py` avec Python 3.10+ si vous avez un environnement Python.

## Préparer le ZIP d'entrée

- Le ZIP peut venir du scanner ou d'un export QuPath.
- Un seul patient ou plusieurs dans le même ZIP.
- Nommage recommandé (mais non obligatoire) : `PatientID\_CD3.ext` et `PatientID\_CD7.ext` `PatientID\_HES.ext` (même PatientID).
- L'outil peut standardiser les noms à l'extraction (exemple `S2501234\_CD7.ndpi`).

## Vue rapide de l'interface

- Quatre étapes : Extraction, Annotation, Détection, Analyse.
- Pastille i à droite de chaque étape : cliquer pour afficher une explication et des boutons Ouvrir.
- Barre de progression en haut de la fenêtre.
- Bouton Ouvrir CSV résultats : ouvre en priorité l'analyse finale, sinon le résumé de détection.
- Possibilité de lancer étape par étape ou tout d'un coup avec Lancer tout le pipeline.

## Étapes détaillées

### 1. Extraction des fichiers

1. Cliquer sur Extraction des fichiers.
2. Choisir votre ZIP.
3. Cocher les marqueurs à traiter (ex: CD3, CD7).
4. Les lames sont copiées vers :

`output/extracted_lames`

Accès rapide via le bouton Ouvrir dans le panneau i.

### 2. Annotation globale

- Création d'un masque (contour tissu) et d'un fichier JSON par lame :

`output/annotated`

- Une prévisualisation peut être faite puis appliquée à toutes les lames.

### 3. Détection des cellules DAB

- Saisie du seuil en pourcentage. Cette valeur est utilisée à l'étape 4 (analyse), pas pendant la détection.

- Production d'images PNG annotées par lame et d'un CSV de comptage :

`output/detected/resume_detection.csv`

- Les lames volumineuses sont plus longues à traiter. Un résultat partiel peut être écrit si la durée limite est atteinte.

#### 4. Analyse des résultats (CD7/CD3)

- Agrégation par patient, calcul du ratio en pourcentage et application du seuil saisi (tolérance  $\pm 2$ ).
- Fichier produit :

`output/results/analyse_CD7.csv`

- Règles pour le drapeau Suspect :
- $CD3 = 0 \rightarrow$  Suspect.
- $CD7 > CD3 \rightarrow$  Suspect (incohérent).
- $Ratio\_ \% = 100 \times CD7 / CD3 < (Seuil - 2) \rightarrow$  Suspect, sinon Non suspect.
- Le fichier d'analyse peut être renommé automatiquement pour inclure le seuil.

## Où retrouver les fichiers générés

PathologyToolbox/

└─ output/

└─ extracted\_lames/ Lames extraites

└─ annotated/ Masques JSON

└─ detected/ PNG annotés, resume\_detection.csv,  
params.json

└─ results/ analyse\_CD7.csv (ou variantes avec seuil  
dans le nom)

## Conseils de performance

- Travailler depuis un SSD si possible.
- Éviter les chemins avec des caractères trop exotiques.
- Fermer les grosses applications pendant l'exécution.
- Préférer les `.ndpi`. Les `.dcm` sont beaucoup plus lents pour l'instant.

## Dépannage rapide

- Dossier introuvable : les dossiers `output/...` sont créés automatiquement. Vérifier les droits d'écriture.
- Masque JSON introuvable : relancer l'étape Annotation (2) avant la Détection (3).
- CSV introuvable : exécuter la Détection (3), puis l'Analyse (4).
- Erreur de mémoire : fermer des applications, traiter en plusieurs fois.
- Timeout en détection : lames très lourdes. Un résultat partiel peut être écrit.

## FAQ

Q. Puis-je traiter un seul patient ?

R. Oui. Le ZIP peut contenir un ou plusieurs patients.

Q. Dois-je renommer mes fichiers ?

R. Non obligatoire, mais recommandé : `PatientID\_CD3.ext` et `PatientID\_CD7.ext`.

Q. À quoi sert le seuil CD7 (%) ?

R. Il intervient uniquement à l'étape d'analyse, pas pendant la détection.

Q. Comment ouvrir rapidement les résultats ?

R. Utiliser les boutons Ouvrir dans les panneaux i, ou le bouton Ouvrir CSV résultats.

## Démarrage rapide

5. Lancer l'application.
6. Extraction → choisir le ZIP → cocher CD3 et CD7 → Valider.
7. Annotation → appliquer à toutes.
8. Détection → entrer le seuil CD7 (exemple 10).
9. Analyse → ouvrir le fichier `analyse\_CD7.csv`.

Alternative : cliquer sur Lancer tout le pipeline et suivre les deux fenêtres (choix du ZIP, puis saisie du seuil).