

## Reconstruction tomographique à partir de projections non-orientées d'objet déformable : cas 2D déformables

### Laboratoire d'accueil

ICube  
(UMR 7357 CNRS-Univ. de Strasbourg)  
FRANCE

#### Directeur

Michel De MATHELIN (demathelin@unistra.fr)

#### Encadrement

Étienne BAUDRIER (baudrier@unistra.fr), bur. C221, ICube, équipe MIV  
Gabriel FREY (g.frey@unistra.fr), bur. C328, ICube, équipe BFO

### Cadre général

Ce sujet de stage s'inscrit dans un axe récent de l'équipe MIV du laboratoire ICube sur la tomographie appliquée à la microscopie électronique avec comme objectif à long terme l'amélioration des méthodes de reconstruction spatiale de protéines en biologie (voir figure 1).

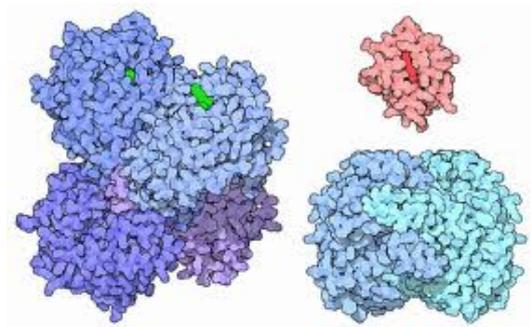


FIGURE 1 – Exemples d'objets 3D à reconstruire (des protéines)

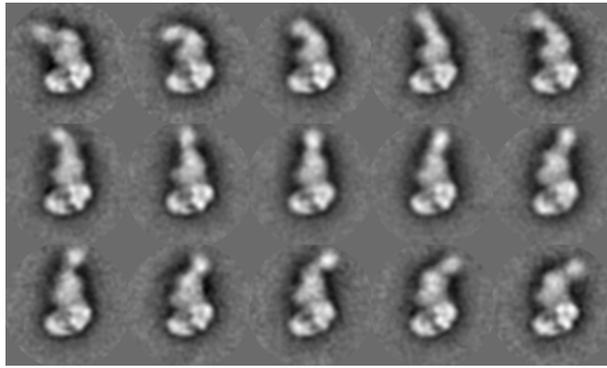


FIGURE 2 – Les quinze images présentées ici sont les projections selon la même orientation d’une macromolécule dans des conformations distinctes. Ces conformations forment des états intermédiaires entre les états de début (en haut à gauche) et de fin (en bas à droite) et sont probablement l’échantillonnage d’une déformation continue.

### Positionnement et objectifs scientifiques

La tomographie permet de reconstituer un objet (2D ou 3D) à partir d’un ensemble de projections de cet objet selon différents angles. Elle est notamment utilisée dans les scanners médicaux. Dans ce cas, l’angle correspondant à chaque projection est connu et utilisé pour la reconstruction de l’objet. Pour certaines applications (dont la microscopie électronique), les angles des projections perçues de l’objet ne sont pas connus, ce qui complique la reconstruction. Ce cas de figure a été largement étudié sans pour autant aboutir à une solution universelle. En particulier, le cas (réel) de reconstruction d’objets déformables fait l’objet de recherches actives (notamment dans l’équipe de P.Schultz de l’IGBMC avec qui nous collaborons). C’est un enjeu important car de nombreux objets étudiés actuellement par la tomographie sont en fait déformables. Le cas de la tomographie où les projections sont orientées est déjà bien traité, mais le cas (qui nous intéresse) où leurs orientations ne sont pas connues est traité actuellement par raffinement à partir d’une première reconstruction de l’objet [LN07]. Cela ne rend que partiellement compte de la réalité et peut introduire des artefacts.

Dans ce cadre, nous proposons d’étudier une nouvelle méthode de reconstruction, qui est globale dans le sens où les angles des projections et l’objet sont reconstruits simultanément. La recherche de la solution se fait alors par l’optimisation globale dans l’espace des angles et de l’image. Cette méthode est actuellement en cours de développement. Le but ici est de tester une extension de l’optimisation au cas où la molécule connaît plusieurs conformations (voir figure 2). Cette étude sera faite dans un premier temps sur des images 2D simples générées artificiellement, puis, en fonction des résultats, sera aussi appliquée au cas des données bruitées.

### Plan de travail proposé

- Compréhension de la méthode ([Fil11])
- Extension de l’optimisation globale au cas déformable
- Expérimentation et validation (différents types de déformation, différentes tailles d’image)
- Étude de l’extension au cas bruité

**Nous contacter pour plus de renseignements.**

### Références

- [Fil11] C. FILLION : Reconstruction tomographique d’une macromolécule à l’aide de ses projections par cryo-microscopie électronique. Mémoire de D.E.A., Université de Strasbourg, sept. 2011.
- [LN07] A. E. LESCHZINER et E. NOGALES : Visualizing flexibility at molecular resolution : Analysis of heterogeneity in single-particle electron microscopy reconstructions. *Annu. Rev. Biophys. Biomol. Struct.*, 36:pp 43–62, 2007.