



Utilisation d'information a priori pour le débruitage d'un graphe

Laboratoire et équipe d'accueil

Équipe MIV

ICube - Laboratoire des sciences de l'Ingénieur, de l'Informatique et de l'Imagerie
CNRS - Université de Strasbourg
Parc d'Innovation, Boulevard Sébastien Brant, BP 10413,
67412 Illkirch Cedex (FRANCE)

Encadrement

Étienne BAUDRIER (baudrier@unistra.fr), bur. C221, tel : 03 68 85 44 94, équipe MIV
Yves MICHELS (y.michels@unistra.fr), bur. C226a tel : 03 68 85 44 94, équipe MIV

Stage effectué dans le cadre du projet RHODES

Cadre général

Ce sujet de stage s'inscrit dans le projet ANR JCJC RHODES 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.

En résumé : l'objet du stage est l'exploitation d'information biologique *a priori* pour débruiter un nuage de points dans un espace de grande dimension.

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. Dans certaines applications dont la Cryo-Microscopie Electronique à Particules Isolées (CMEPI), les projections sont acquises sans avoir d'information sur les angles de projection correspondant. 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 recherche actives (notamment dans l'équipe Architecture des systèmes nucléoprotéiques par microscopie électronique 3-D de P.Schultz, IGBMC, avec laquelle nous collaborons). C'est un enjeu important car de nombreux objets étudiés actuellement par la tomographie sont en fait déformables.

La prise en compte des déformations continues en CMEPI nécessite des méthodes dédiées et c'est l'objet du projet ANR RHODES. Une méthode utilisant la réduction de dimension pour estimer les paramètres de reconstruction est développée dans le cadre du projet RHODES (thèse d'Yves Michels) [MB16]. Le principe de cette méthode est de représenter les images acquises à partir des conformations de la macromolécule dans un espace de grande dimension et de faire une réduction dimensionnelle afin de retrouver les paramètres de conformation et d'acquisition (orientation) afin de pouvoir reconstruire les volumes des conformations.

Le stage porte sur l'intégration dans cette méthode des informations biologiques suivantes : structures secondaire de la macromolécule et ses modes normaux (qui représentent ses déformations). Ces informations permettent de simuler l'ensemble des projections de toutes les conformations de la macromolécule et ces images peuvent être vues comme un nuage de points sans bruit dans l'espace de grande dimension. Ce nuage peut alors être exploité pour supprimer les mauvaises arêtes dans le graphe des plus proches voisins du nuage de points des données (voir figure 1).

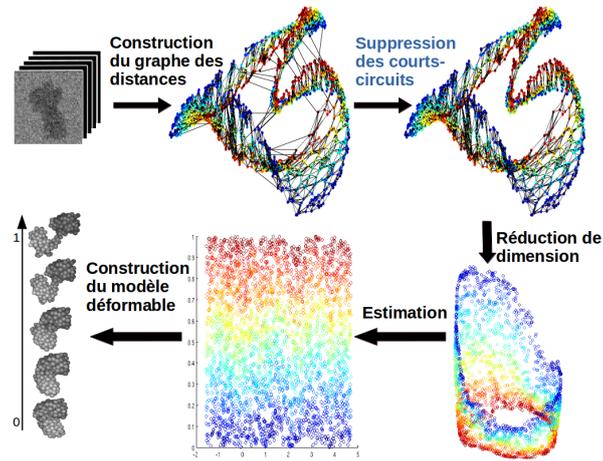


FIGURE 1 – Schéma de la méthode d'estimation des paramètres

Plan de travail proposé

- Compréhension de la méthode de reconstruction ([MB16])
- simulation des données
- mise en place du débruitage de graphe
- Expérimentation et validation du cas 2D
- Expérimentation et validation du cas 3D

Compétences souhaitées

- Bases mathématiques.
- Connaissances en programmation (C, Matlab) et en traitement d'images.
- Autonomie et esprit d'initiative.
- Travail en équipe.

Nous contacter pour plus de renseignements.

Références

- [MB16] Y. MICHELS et É. BAUDRIER : Retrieving the parameters of cryo electron microscopy dataset in the heterogeneous ab-initio case. *In International Conference on Image Processing*. IEEE, Sep 2016.