

Sujet :

**Intégration par apprentissage profond des contraintes morphologiques dans la reconstruction d'images tomographiques : application en biologie**

Durée du contrat : **3 ans**

Date de prise de fonctions souhaitée : septembre ou octobre 2024

**Structure d'accueil et environnement de travail**

L'encadrement de la thèse sera assuré sous la co-responsabilité de Claire MICHELET, physicienne, Maître de Conférences au **Laboratoire de Physique des Deux Infinis Bordeaux (LP2IB)**, spécialiste des techniques de micro-tomographie, et de Pascal DESBARATS, informaticien, Professeur au **Laboratoire Bordelais de Recherche en Informatique (LaBRI)**, spécialiste de problèmes d'inversion et de techniques de reconstruction d'images. Il bénéficiera de plus de l'expertise de Jean-François GIOVANNELLI, data scientist, Professeur au laboratoire Intégration du Matériau au Système (IMS), également spécialiste de ces thématiques.

Le-la candidat-e sera accueilli au LP2IB, dans l'**équipe pluridisciplinaire iRiBio** « Interactions Rayonnements Ionisants et Biologie », qui associe des compétences en physique, informatique, chimie et biologie pour répondre à des problématiques liées à la caractérisation du vivant, sur des modèles biologiques microscopiques (cellules, microorganismes). Le-la candidat-e aura également à disposition un bureau secondaire au LaBRI, pour faciliter l'accès aux serveurs de calcul. Le-la candidat-e bénéficiera de la synergie et la complémentarité de compétences de cet environnement pluridisciplinaire, avec notamment un post-doc (Math. Applis) et plusieurs stagiaires de master (Physique et Informatique) directement impliqués dans le sujet.

Le-la candidat-e pourra également enrichir ses connaissances et ouvrir ses perspectives de recherche notamment en imagerie synchrotron et en reconstruction d'images, grâce à de **nombreuses collaborations pluridisciplinaires déjà engagées aux niveaux national et international** : European Synchrotron Radiation Facility (ESRF) à Grenoble ; Australian Synchrotron à Melbourne ; Collaborations Geant4 et Geant4-DNA, dans le cadre notamment des groupes de recherche « Advanced Examples » et « G4-Med », en partenariat notamment avec l'Université de Wollongong, Australie.

**Contexte et objectifs de la thèse**

La tomographie 3D devient un outil essentiel dans l'analyse de la matière et plus particulièrement de la matière vivante, car elle permet une imagerie directe, sans nécessiter de coupe physique, d'échantillons biologiques préservés, très proches de leur état natif. Ce sujet de thèse propose d'explorer **une nouvelle approche pour la reconstruction d'images tridimensionnelles (3D) par tomographie**, pour des applications en biologie, mettant en œuvre des méthodes de deep learning.

La problématique plus spécifiquement abordée est **le cas de données incomplètes**. Les données acquises peuvent être incomplètes pour diverses raisons : *i) des contraintes temporelles*, afin de limiter la durée de l'expérience ou de minimiser l'exposition aux radiations par exemple ; *ii) des contraintes physiques*, liées à la géométrie de l'objet, empêchant l'accès à certains angles de mesure, constituant alors un « *missing wedge* » (« coin manquant ») dans les données. Ces limitations sont une source d'erreurs dans les images reconstruites. La thèse propose une approche novatrice pour minimiser ces effets. Nous proposons d'utiliser le fait que pour de nombreux types d'objets, y compris les modèles biologiques spécifiquement étudiés dans ce projet, des informations de structure sont généralement connues. **Nous nous proposons d'intégrer ces informations morphologiques dans l'algorithme de reconstruction pour le contraindre, et favoriser ainsi une solution qui soit la plus fidèle possible à la réalité.**

En tomographie médicale, l'apport d'informations morphologiques interprétées par apprentissage profond permet déjà de guider la reconstruction d'images, et ainsi de minimiser la dose délivrée au patient pendant l'examen. Le projet de thèse vise à étendre ce type d'approche à la micro-tomographie, afin d'en faciliter son usage au niveau international, que ce soit pour la recherche fondamentale (biologie, médecine, physico-chimie des matériaux) et/ou la réponse aux besoins analytiques des entreprises. **Le projet ouvre ainsi la voie à un véritable « imageur 3D » à l'échelle microscopique**, avec un gain considérable en termes de temps et d'ergonomie. Ces considérations sont cruciales en biologie, car la mise en évidence d'une réponse biologique repose souvent sur la comparaison d'un grand nombre d'échantillons.

Notons que la problématique de données incomplètes est également **centrale dans d'autres modalités d'imagerie** (synthèse d'ouverture, interférométrie, super résolution, hyperspectral...) et d'autres domaines (imagerie médicale, contrôle non destructif, astrophysique, matériaux, mécanique, radars...). Il existe donc une grande similarité de besoin entre ces différentes techniques, quelle que soit la source de rayonnement. De ce fait, les développements effectués dans la thèse seront applicables dans ces autres champs disciplinaires.

## Méthodologie

La thèse se focalise plus spécifiquement sur trois volets :

- **La conception de méthodes de reconstruction tomographique** basées sur l'apprentissage profond ;
- **Le test de ces méthodes** et l'évaluation de leur exactitude en termes quantitatifs (valeur des densités calculées) en exploitant notamment des fantômes numériques
- **L'application de ces méthodes sur des données expérimentales** d'imagerie de micro-organismes biologiques par diverses techniques (MT par émission X protonique et synchrotron).

Les approches sont basées sur des contraintes liées à une connaissance a priori des échantillons (micro-structure, discontinuités, composition chimique globale - par exemple matière organique à base de C, H, O, N pour les échantillons biologiques, support et positivité...) ainsi que sur le procédé d'acquisition et les mesures (géométrie d'acquisition, missing wedge, présence d'atténuations, nature statistique des données acquises).

Le développement s'appuie de manière concrète sur le modèle biologique de nématode *Caenorhabditis elegans* (*C. elegans*), un micro-organisme multicellulaire d'environ 1 mm de long. Il présente les caractéristiques anatomiques et fonctionnelles d'un organisme biologique multicellulaire avec des constantes en termes de nombre de cellules, de cycle de vie et de développement. Cet organisme s'est de fait imposé en recherche fondamentale au niveau international dans l'étude des grandes fonctions biologiques (génétique, vieillissement, neurosciences).

## Profil du doctorant

Le-la doctorant-e devra posséder des **compétences fortes en traitement de données et reconstruction d'images** :

- **Soit un-e physicien-ne** avec une expérience et un projet professionnel orientés vers l'imagerie ;
- **Soit un-e informaticien-ne** avec une expérience et un projet professionnel orientés vers le traitement et l'analyse d'images, quel que soit le domaine (physique, biologie, mécanique, médical, ...).

L'École Doctorale sera choisie en fonction du profil du-de la candidat-e.