

# Sujet 1

## Quantification de l'apport de méthodologies de dérivation discrète pour une tâche de détection de vaisseaux sanguins dans des images biomédicales

Proposé par : Hugo Rositi

Equipe : ADAGIO

### Informations générales

Encadrants    Hugo Rositi  
Adresse        LORIA, Campus Scientifique - BP 239, 54506 Vandœuvre-lès-Nancy  
Téléphone     03 83 59 20 03  
Email          hugo.rositi@loria.fr  
Bureau        B 232

### Motivations

De nombreuses pathologies peuvent affecter directement le réseau vasculaire dans sa globalité ou à des niveaux plus locaux. La densité des vaisseaux ou encore leur morphologie peuvent ainsi être modifiées par des dégâts structurels [1] ou par de l'angiogénèse dégénérative dans le cas des cancers [2]. L'étude de ces modifications à des échelles macro et microscopiques est donc primordiale pour parfaire les connaissances de ces mécanismes. Les observations qualitatives et quantitatives peuvent être réalisées par des techniques histologiques mais elles peuvent induire des dégâts incontrôlés aux structures observées. Les techniques qui préservent l'intégrité des tissus biologiques observés est donc à privilégier, nous utilisons pour cela l'imagerie par contraste de phase par rayonnement synchrotron [3] qui permet de conserver intact le réseau vasculaire de l'échantillon biologique et d'observer ses structures vasculaires en 3D à l'échelle microscopique (cf. Figure 1). Nous avons montré dans des précédents travaux [4] qu'il était possible de segmenter ces structures vasculaires 3D (cf. Figure 2) en s'appuyant sur des filtres de réhaussement vasculaire bien connus tels que Sato [5] ou encore Frangi [6]. Nous pouvons également nous intéresser à d'autres structures linéaires en 3D telles que des fibres neuronales [7].

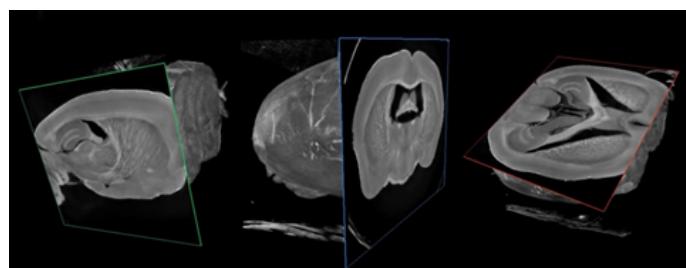


FIGURE 1 – Visualisation dans les 3 axes d'un cerveau de souris en SR-PCT.



FIGURE 2 – Segmentation du réseau vasculaire dans la région de l'hippocampe. *Stage Lucca Merola, Institut Pascal 2020.*

## Sujet

Dans le cadre des travaux précédemment mentionnés, la détection et la segmentation des structures linéaires 3D (vaisseaux sanguins ou fibres neuronales) dans les échantillons biologiques donnent des résultats de l'ordre des standards actuels en utilisant soit des méthodologies par apprentissage profond soit les méthodologies précédemment citées qui reposent principalement sur le calcul de la matrice Hessienne (*i.e.* la matrice des dérivées partielles selon les directions de l'image) pour détecter des structures tubulaires au sein des images 2D ou 3D.

Une problématique couramment rencontrée lors du recours à ses méthodologies est la présence de discontinuités dans les segmentations des vaisseaux sanguins (*i.e.* vaisseaux trop petits ou interruption de vaisseaux). Un précédent stage a permis d'établir un pipeline de traitement pour quantifier l'apport de nouvelles méthodologies de dérivation discrète dans le cas 2D afin d'améliorer les résultats de détection.

Ce sujet de stage propose donc **d'étendre le travail déjà réalisé en 2D au cas 3D**. Pour cela :

- Il faudra prévoir un travail d'optimisation pour prendre en compte la taille des données.
- Concevoir les jeux de données avec le meilleur rapport entre la taille et l'information présente.
- Étendre les opérateurs de dérivée au cas 3D.

## Cadre du travail

La chaîne de traitement actuellement en place utilise le langage Python.

La personne recrutée devra faire preuve d'intérêts pour les thématiques autour de l'image et des méthodologies de traitements de structures discrètes.

## Références

- [1] Z. Amtul, J. Yang, T.-Y. Lee and D. F. Cechetto, Pathological Changes in Microvascular Morphology, Density, Size and Responses Following Comorbid Cerebral Injury, *Frontiers in Aging Neuroscience*, Vol. 11, 2019.
- [2] N. Nishida, H. Yano, T. Nishida, T. Kamura and M. Kojiro, Angiogenesis in cancer. *Vascular Health and Risk Management*, Vol. 2(3), pp. 213–9, 2006.
- [3] J. Albers, S. Pacilé, M.A. Markus, M. Wiart, G. Vande Velde, G. Tromba and C. Dullin, X-ray-Based 3D Virtual Histology-Adding the Next Dimension to Histological Analysis, *Molecular Imaging and Biology*, Vol. 20(5), pp. 732–741, 2018.
- [4] H. Rositi, A. Leborgne, M.-A. Lebre, M. Grand-Brochier, F. Chauveau, M. Wiart, C. Olivier, F. Peyrin and A. Vacavant, Computational 2D and 3D extraction of liver mouse vasculature within synchrotron radiation X-ray phase tomography, In *2nd Neubias Symposium*, Szeged, Hungary, January 2018.
- [5] Y. Sato, S. Nakajima, N. Shiraga, H. Atsumi, S. Yoshida, T. Koller, G. Gerig and R. Kikinis, Three-dimensional multi-scale line filter for segmentation and visualization of curvilinear structures in medical images, *Medical Image Analysis*, Vol. 2(2), pp. 143–168, 1998.
- [6] R.F. Frangi, W.J. Niessen, K. Vincken and M.A. Viergever, Multiscale vessel enhancement filtering, *International Conference on Medical Image Computing and Computer-Assisted Intervention – MICCAI*, pp. 130–137, 1998.
- [7] J. Gobé, M. Chourrout, A. Vacavant, H. Rositi and F. Chauveau, A new open-source tool for 3-dimensional analysis of white matter from XPCT images. In *International Symposium on Biomedical Imaging*, Cartagena de Indias, Colombia, April 2023.