

FUSION D'IMAGES IRM ET MALDI

Florent GRÉLARD

David LEGLAND, Mathieu FANUEL, Loïc FOUCAT, Hélène ROGNIAUX

28 novembre 2019

9èmes JST – Rμl

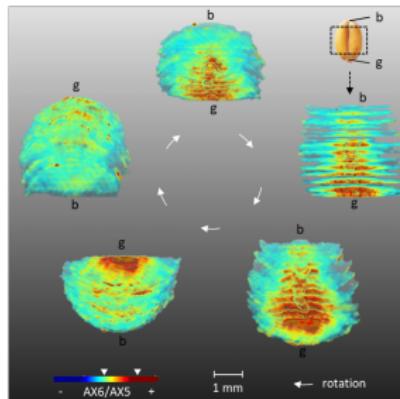


Étude du grain de blé

Qualité du **grain** dépendante de mécanismes intervenant à différents stades du développement (ex : **transferts d'eau**).

Molécules impliquées dans le transfert d'eau (AX6/AX5, [Fanuel et al., 2018]).

Objectif : identifier de **nouvelles molécules** liées au transfert d'eau dans le grain de blé. Stades : 250 DJ, 650 DJ, et 850 DJ.



Des images à l'identification

- (a) IRM : images de la densité et de la mobilité en eau
- (b) MSI (MALDI) : images de la répartition d'un grand nombre de molécules
 - **Fusion** des images

Problème : caractéristiques différentes des images



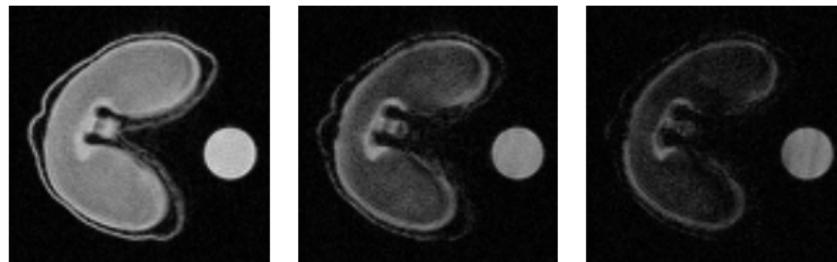
(a)



(b)

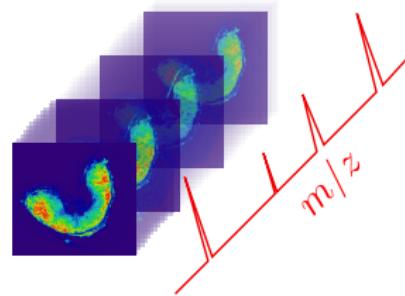
Images IRM

- Grain entier
- **Images 4D** : technique d'acquisition **multi-impulsionnelle** (écho de gradient)
- Images de **nombres complexes**
- **Bruit Ricien** : bruit dont la distribution dépend du rapport signal sur bruit (SNR)
- **Résolution** : $50\mu m \times 50\mu m \times 500\mu m$



Images MALDI

- **Préparation** de l'échantillon : coupe, digestion enzymatique, dépôt de matrice
- **Cube de données** : dimension spectrale des molécules (rapports m/z)
- **Résolution spatiale** : $25\mu m \times 25\mu m \times 80\mu m$
- **Résolution spectrale** : 0.017

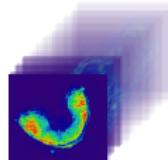
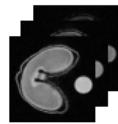


⇒ **besoin** d'une **chaîne de traitement** qui s'abstire des disparités entre les images IRM et MALDI.

Table des matières

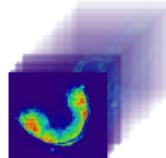
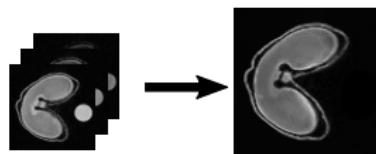
- 1 Contexte
- 2 Chaîne de traitement
- 3 Résultats
- 4 Perspectives

Chaîne de traitement



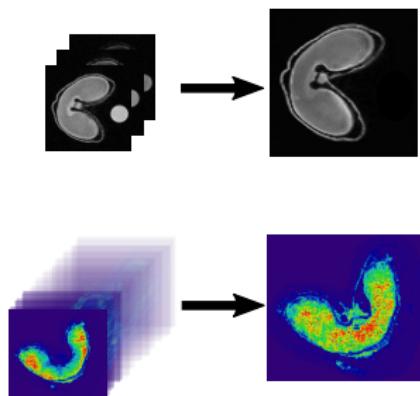
Chaîne de traitement

1. Pré-traitement des images **IRM** : détermination d'une image de densité et de mobilité de l'eau



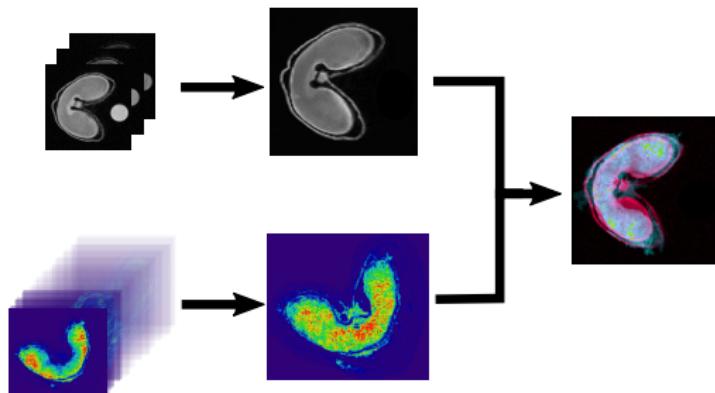
Chaîne de traitement

1. Pré-traitement des images **IRM** : détermination d'une image de densité et de mobilité de l'eau
2. Pré-traitement des images **MALDI** : réduction, segmentation



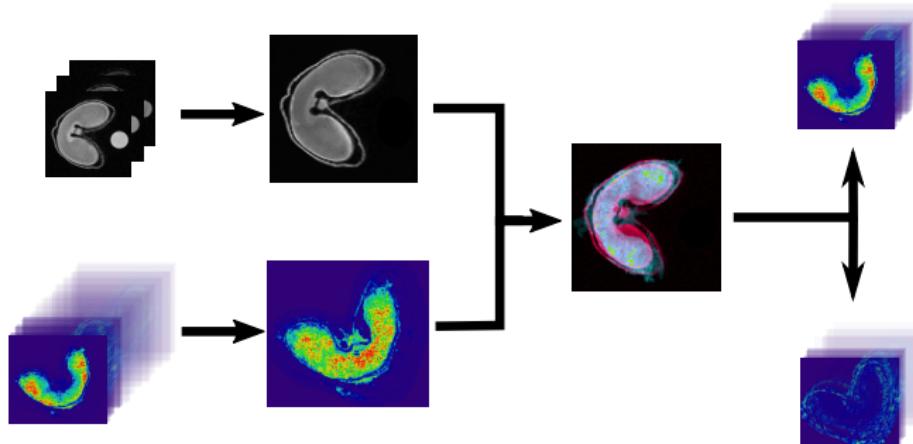
Chaîne de traitement

1. Pré-traitement des images **IRM** : détermination d'une image de densité et de mobilité de l'eau
2. Pré-traitement des images **MALDI** : réduction, segmentation
3. Fusion :
 - 3.1 Recalage



Chaîne de traitement

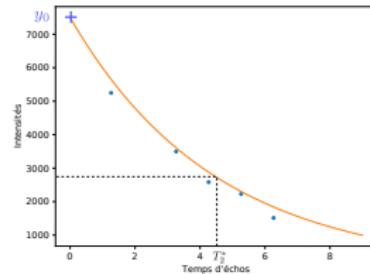
1. Pré-traitement des images **IRM** : détermination d'une image de densité et de mobilité de l'eau
2. Pré-traitement des images **MALDI** : réduction, segmentation
3. Fusion :
 - 3.1 Recalage
 - 3.2 Analyse statistique : réduction et mise en correspondance d'images



Pré-traitements

Images IRM :

1. Débruitage
2. Estimation d'une image en **densité** et de **T_2^*** (mobilité) par ajustement de fonctions exponentielles



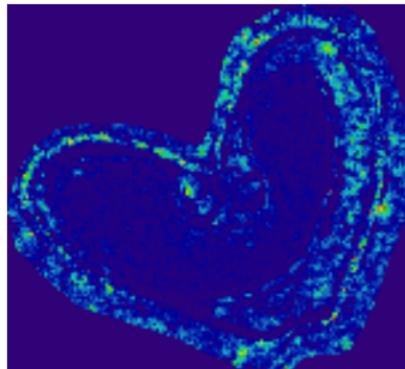
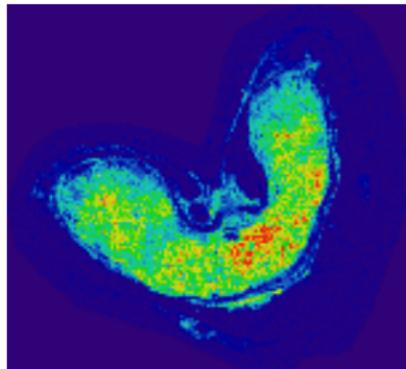
Images MALDI :

1. Réduction de la dimension : sélection et réalignement de pics
2. Segmentation du grain en MALDI en vue du recalage avec l'image IRM : **croissance de régions** sur un ensemble pertinent

Segmentation

Hypothèse : certaines molécules dans les images MALDI sont organisées spatialement dans des régions anatomiques

Idée : raffinement de segmentation en exploitant l'information d'un ensemble d'images pertinent

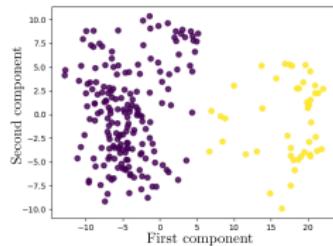


Segmentation : ensemble pertinent

Ensemble pertinent : ensemble d'images MALDI où la forme du grain est apparente

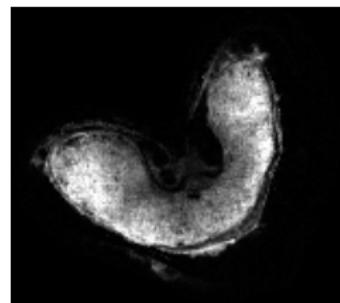
Méthode :

1. Réduction de dimensions par ACP
2. **Clustering** par l'algorithme des k -moyennes, avec $k = 2$.
3. Seuillage des images
4. Sélection du cluster dont l'**aire** moyenne de la plus grande composante connexe est la **plus élevée**



Segmentation : croissance de régions

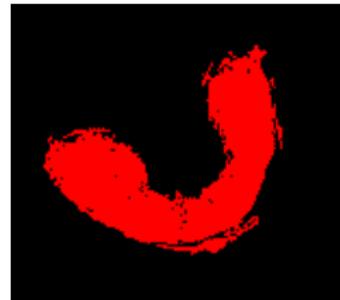
Croissance de régions :



Segmentation : croissance de régions

Croissance de régions :

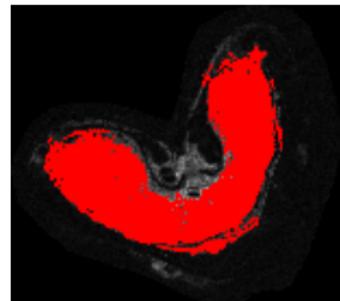
1. **Germes** de la croissance de régions = plus grande composante connexe de l'image seuillée



Segmentation : croissance de régions

Croissance de régions :

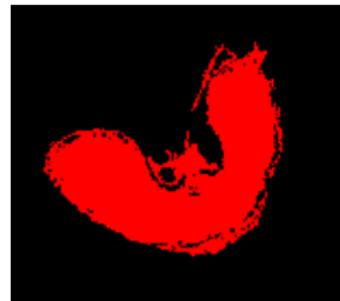
1. **Germes** de la croissance de régions = plus grande composante connexe de l'image seuillée
2. Pour chaque image de l'ensemble pertinent :
 - 2.1 **Croissance** à partir des germes, tant que l'intensité est supérieure à un seuil



Segmentation : croissance de régions

Croissance de régions :

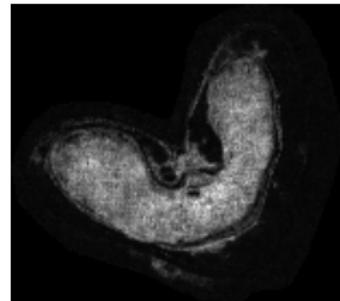
1. **Germes** de la croissance de régions = plus grande composante connexe de l'image seuillée
2. Pour chaque image de l'ensemble pertinent :
 - 2.1 **Croissance** à partir des germes, tant que l'intensité est supérieure à un seuil
 - 2.2 **Nouveaux germes** = segmentation obtenue par croissance de régions



Segmentation : croissance de régions

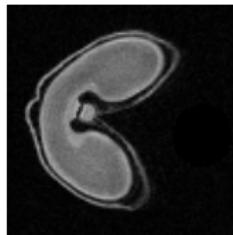
Croissance de régions :

1. **Germes** de la croissance de régions = plus grande composante connexe de l'image seuillée
2. Pour chaque image de l'ensemble pertinent :
 - 2.1 **Croissance** à partir des germes, tant que l'intensité est supérieure à un seuil
 - 2.2 **Nouveaux germes** = segmentation obtenue par croissance de régions
3. Image finale : **image moyenne** de l'ensemble pertinent intersectée avec l'ensemble de points segmenté



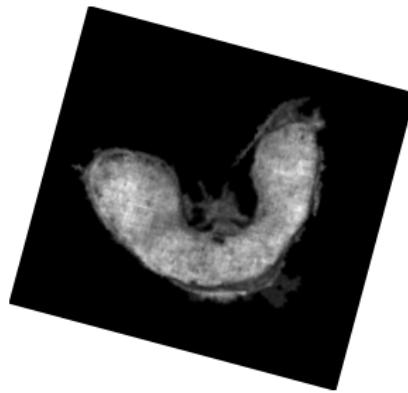
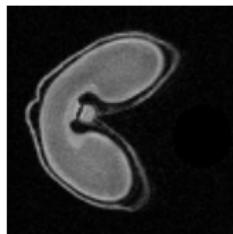
Recalage

Méthodes de **recalage** = estiment la **transformation géométrique** permettant la superposition d'une image **mobile** sur une image **fixe**



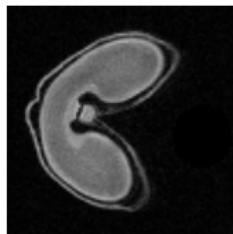
Recalage

Méthodes de **recalage** = estiment la **transformation géométrique** permettant la superposition d'une image **mobile** sur une image **fixe**



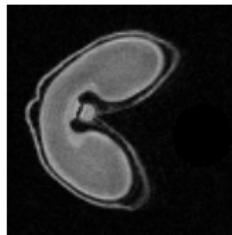
Recalage

Méthodes de **recalage** = estiment la **transformation géométrique** permettant la superposition d'une image **mobile** sur une image **fixe**



Recalage

Méthodes de **recalage** = estiment la **transformation géométrique** permettant la superposition d'une image **mobile** sur une image **fixe**



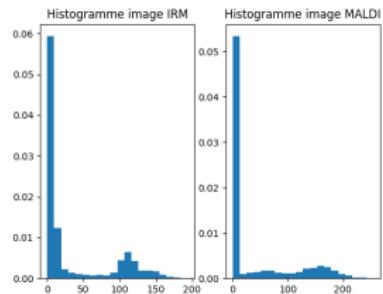
Recalage

Méthodes de recalage définies par 3 composantes :

1. La **transformation géométrique** : rigide, affine, déformable
2. La **métrique** : mesure la similarité entre l'image fixe et mobile, en termes d'intensité ou de géométrie
3. L'**optimisation** : méthode pour la détermination du maximum de la métrique

Notre méthode :

1. Premier recalage rigide
 - Transformation = **rigide**
 - Métrique = **information mutuelle** de Mattes [Mattes et al., 2001]
 - Optimisation = descente de gradient
2. Second recalage non-rigide :
méthodes variationnelles.

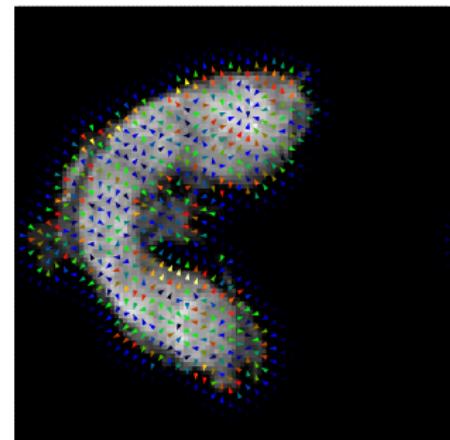


Recalage non-rigide

Méthodes variationnelles : modélisation d'une force d'attraction des pixels, sous la forme d'un **champ de vecteurs**.

Minimisation d'une fonctionnelle \mathcal{J}
[Modersitzki, 2009] :

1. Forces externes : métrique \mathcal{D} (ex. information mutuelle)
2. Forces internes : terme de régularisation \mathcal{S}



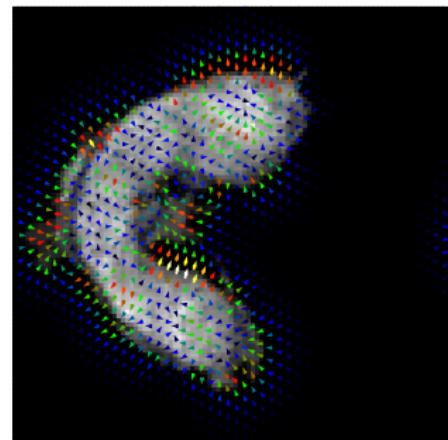
$$\mathcal{J}[y] = \mathcal{D}[\mathcal{T}[y], \mathcal{R}] + \mathcal{S}[y] \xrightarrow{y} \min$$

Recalage non-rigide

Méthodes variationnelles : modélisation d'une force d'attraction des pixels, sous la forme d'un **champ de vecteurs**.

Minimisation d'une fonctionnelle \mathcal{J}
[Modersitzki, 2009] :

1. Forces externes : métrique \mathcal{D} (ex. information mutuelle)
2. Forces internes : terme de régularisation \mathcal{S}



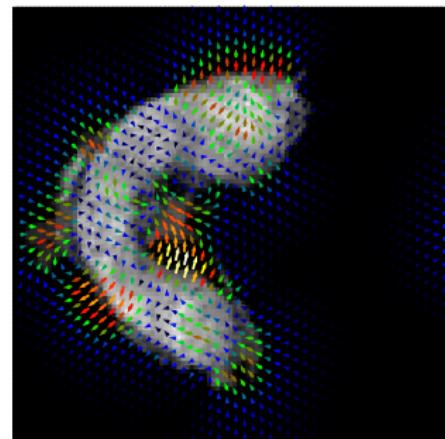
$$\mathcal{J}[y] = \mathcal{D}[\mathcal{T}[y], \mathcal{R}] + \mathcal{S}[y] \xrightarrow{y} \min$$

Recalage non-rigide

Méthodes variationnelles : modélisation d'une force d'attraction des pixels, sous la forme d'un **champ de vecteurs**.

Minimisation d'une fonctionnelle \mathcal{J}
[Modersitzki, 2009] :

1. Forces externes : métrique \mathcal{D} (ex. information mutuelle)
2. Forces internes : terme de régularisation \mathcal{S}



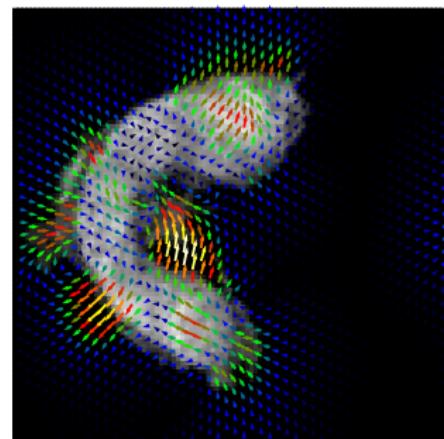
$$\mathcal{J}[y] = \mathcal{D}[\mathcal{T}[y], \mathcal{R}] + \mathcal{S}[y] \xrightarrow{y} \min$$

Recalage non-rigide

Méthodes variationnelles : modélisation d'une force d'attraction des pixels, sous la forme d'un **champ de vecteurs**.

Minimisation d'une fonctionnelle \mathcal{J}
[Modersitzki, 2009] :

1. Forces externes : métrique \mathcal{D} (ex. information mutuelle)
2. Forces internes : terme de régularisation \mathcal{S}



$$\mathcal{J}[y] = \mathcal{D}[\mathcal{T}[y], \mathcal{R}] + \mathcal{S}[y] \xrightarrow{y} \min$$

Analyse statistique

Identification des molécules en MALDI corrélant avec les images IRM :

1. Réduction de la dimension des images par ACP
2. Projection de l'image IRM (densité ou T_2^*) sur les axes de l'ACP
3. Sélection des images MALDI **les plus proches** de la projection de l'image IRM

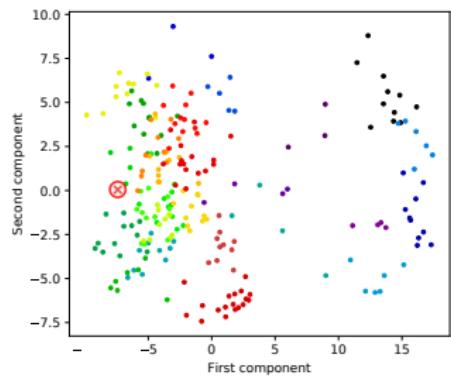


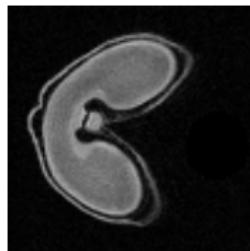
Table des matières

- 1 Contexte
- 2 Chaîne de traitement
- 3 Résultats
- 4 Perspectives

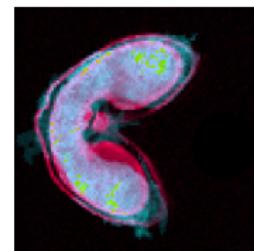
Recalage : résultats

Proportion des pixels en commun entre l'image MALDI et IRM :

1. Recalage rigide = **85.8%** (a-b)
2. Recalage non-rigide = **97.4%** (c-d)



(a)



(b)



(c)

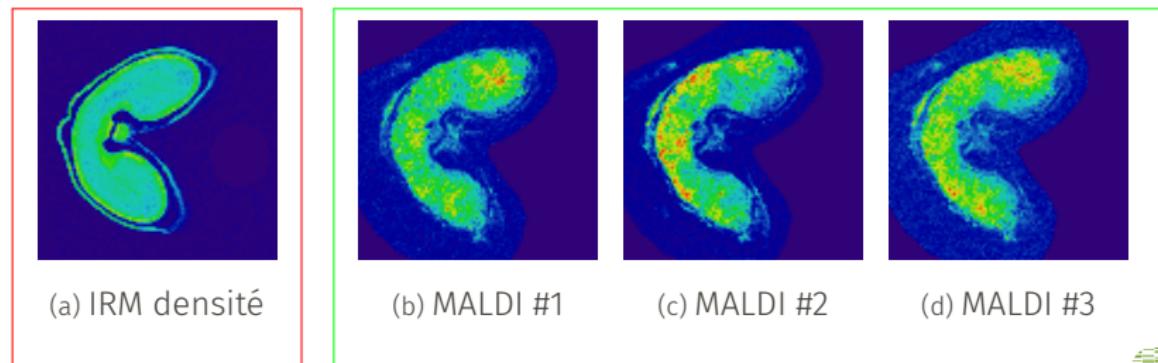


(d)

Mise en corrélation : premiers résultats

Comparaison à l'image IRM en densité :

Ordre	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10
m/z	1127.43	1667.61 (AX 12 Ac)	995.38	1211.47	1301.49	1343.5	1169.43	1226.46	1439.54	1433.56



Mise en corrélation : premiers résultats

Comparaison à l'image T_2^* (mobilité) :

Ordre	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10
m/z	827.31 (AX 5 3.Ac)	2419.69 (AX 18)	2287.71 (AX 17)	2155.69 (AX 16)	2417.66 (AX 18)	999.59	777.44	2022.7 (AX 15)	650.54	666.53

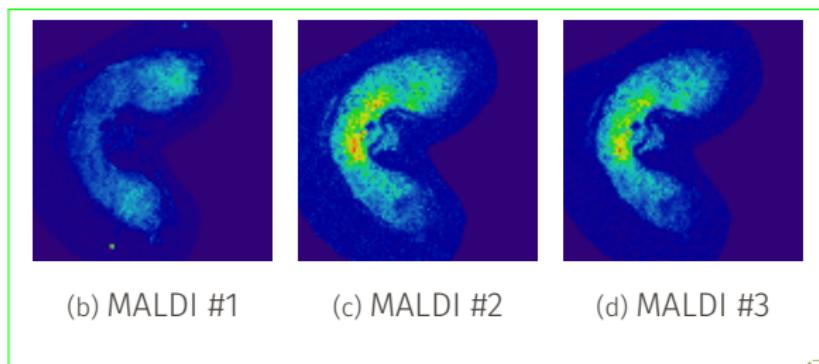
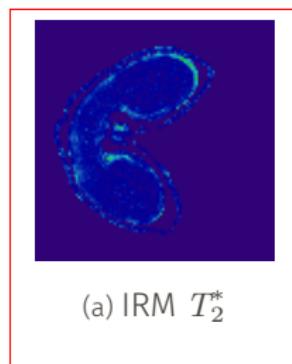
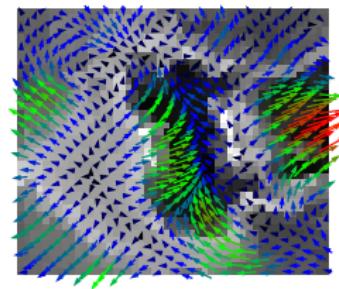
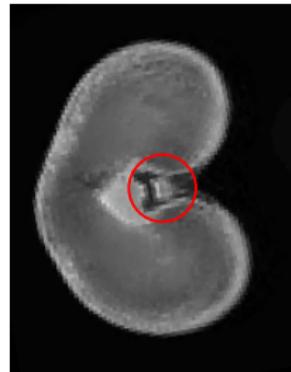
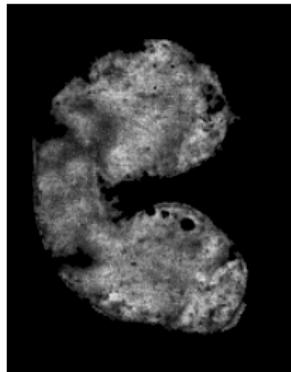


Table des matières

- 1 Contexte
- 2 Chaîne de traitement
- 3 Résultats
- 4 Perspectives

Perspectives

Identifier les structures absentes d'une modalité, mais présentes dans l'autre.



Idée : exploiter les zones de divergence dans le champ de vecteurs, lors de l'étape de recalage non-rigide.

Références I

- Fanuel, M., Ropartz, D., Guillon, F., Saulnier, L., and Rogniaux, H. (2018).
Distribution of cell wall hemicelluloses in the wheat grain endosperm : a 3d perspective.
Planta, 248(6) :1505–1513.
- Mattes, D., Haynor, D. R., Vesselle, H., Lewellyn, T. K., and Eubank, W. (2001).
Nonrigid multimodality image registration.
In Sonka, M. and Hanson, K. M., editors, *Medical Imaging 2001 : Image Processing*. SPIE.
- Modersitzki, J. (2009).
Fair : Flexible Algorithms for Image Registration.
Society for Industrial and Applied Mathematics, Philadelphia, PA, USA.