

Détection multi-échelles par corrélation GPU pour de grandes images bio-médicales 3D.

Responsables :

F. Plouraboué (fplourab@imft.fr), Pol Kennel (pol.kennel@imft.fr) & Laurent Risser (laurent.risser@math.univ-toulouse.fr).

Institut de Mécanique des Fluides de Toulouse, IMFT UMR 5502, CNRS-INPT-UPS,
Institut de Mathématique de Toulouse IMT, UMR 5219 CNRS-UPS

<http://www.imft.fr>

Contexte

L'imagerie des tissus biologiques est un domaine à l'interface entre médecine/biologie, ingénierie et informatique. Ce domaine est en pleine expansion ces dernières années, d'une part, à cause d'améliorations techniques considérables dans le matériel d'acquisition (caméras, optiques, électronique), la richesse des marquages biologiques (multi-fluorescence, nanomarqueurs, opto-génétique) et d'autre part vers l'ouverture toujours plus grande qu'elle offre pour explorer la complexité du vivant, en particulier dans les tissus (biologie du développement, cancérologie tissulaire, etc).

Dans ce contexte, un des points durs méthodologiques provient de la masse de données imagées qui doivent être traitées. L'extraction d'informations dites de haut niveau à partir de ces images requiert l'utilisation de méthodes informatiques généralement coûteuses en 3-dimensions. Le point limitant avec les nouveaux moyens d'acquisition est donc le traitement des images produites de très grandes dimensions (spatiale, temporelle, spectrale) et c'est dans ce secteur que se situe l'objectif du projet proposé.

Notre équipe développe depuis une dizaine d'années des méthodes de segmentations de réseaux vasculaires pour la compréhension de la structure et de la fonction des tissus [1,2]. La figure 1 montre quelques images de réseaux micro-vasculaires comportant plusieurs centaines de milliers de segments vasculaires.

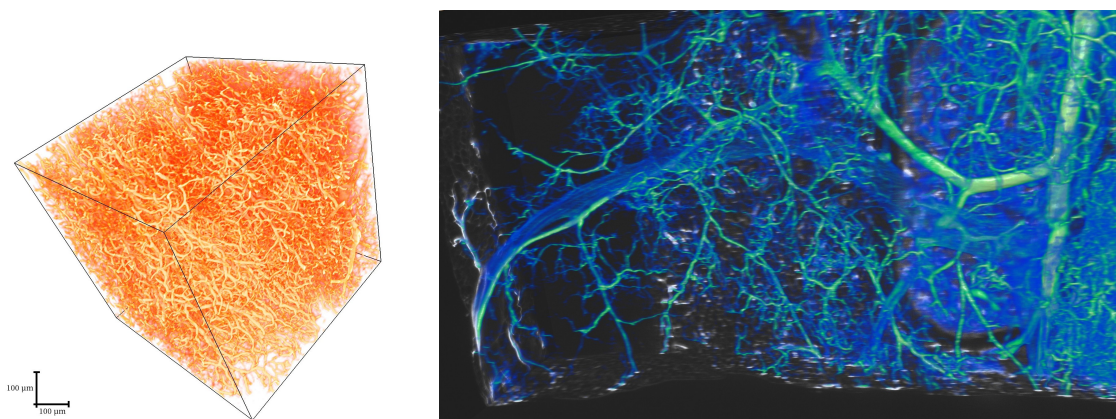


FIGURE 1 – Image optiques obtenue par feuille de lumière (SPIM) de tissus adipeux dans laquelle on distingue le réseau vasculaire dense à gauche et les grandes artères/veines creuses à droite.

Pour analyser ces réseaux, nous avons développé des algorithmes de vectorisation des structures vasculaires efficaces et performants qui permettent de décrire l'ensemble de l'architecture vasculaire

complexe d'un tissu. Cette vectorisation sous forme de graphe permet un gain en espace mémoire d'environ 10^4 par rapport aux images initiales de vaisseau segmentées.

Objectifs

L'objectif de ce stage est le développement d'une méthode de segmentation de vaisseaux creux dans le cadre d'une implémentation parallèle GPU (Graphical Processing Unit). Nous avons développé des fonctions GPU en OpenCL pour calculer la corrélation croisée entre de grandes bases de *template* (modèles a priori) et de grandes images 3D. Les performances obtenues permettent d'attaquer des problèmes difficiles comme la détection de structures spécifiques (ici des vaisseaux creux), dans des images complexes de grandes tailles (comme celles illustrées ci-dessous). La méthode proposée, présente un caractère générique pour la détection/identification de structures spécifiques dans des grandes bases de données (proche de problématiques de d'apprentissage non-supervisé en big-data).

Le sujet du stage consiste à utiliser la corrélation GPU dans le cadre d'une méthode d'optimisation multi-échelle permettant de maximiser la réponse de la base des *templates* de façon hiérarchique à la fois dans l'espace des paramètres (i.e. paramètres géométriques du *template*), mais aussi dans celui de l'image (i.e. la localisation). L'idée est de diminuer drastiquement l'espace de recherche de sorte à diminuer le coût de calcul pour l'identification des structures, tout en préservant toute la puissance d'une implémentation GPU. La corrélation dans l'image devra donc être pyramidée, tout comme la discrétisation dans l'espace des paramètres des *templates*. Le but du stage est d'implémenter, tester et valider la méthode, d'en tester les performances et l'efficacité sur des jeux d'images artificielles et sur des images réelles.

Le stagiaire sera accompagné tout le long du stage par F. Plouraboué, P. Kennel et L. Risser.

Profil : Étudiant en master (M1 ou M2) ou école d'Ingénieur, en informatique, mathématiques appliqués ou traitement du signal.

- Très bon niveau de programmation. Langages : C++, python, bash, etc.
- Expérience sur programmation GPU serait un plus et/ou méthodes d'optimisation en grande dimensions.
- Compétences en traitement d'images serait un plus.
- Autonome, bonne communication.

Mots-clés : Segmentation, GPU, OpenCL, optimisation, images 3D.

Aspects administratif : Le stage pourra être d'une durée de cinq ou six mois. La gratification de stage suivra le tarif forfaitaire. Il aura lieu à l'IMFT, qui se situe près du centre ville de Toulouse sur l'Ile du Ramier (Cf <http://www.imft.fr>).

References :

1. L. Risser, F. Plouraboué, A. Steyer, P. Cloetens, G. Le Duc & C. Fonta, From homogeneous to fractal normal and tumorous micro-vascular networks in the brain, *J. Cereb. Blood flow and Metabolism*, **27**, 2,293-303, (2007).
2. L. Risser, F. Plouraboué, P. Cloetens & C. Fonta, A 3D investigation shows that angiogenesis in primate, *Int. J. of Develop. Neurosc.*, **27**, 2, 185-196, (2009).
3. L. Risser, F. Plouraboué & X. Descombes, Gap Filling of 3-D Micro-vascular Networks by Tensor Voting, **27**, 5, 674-687, *IEEE Transactions in Medical imaging* , (2008).
4. R. Guibert, C. Fonta, L. Risser, & F. Plouraboué, Coupling and robustness of vascular units in cortex, *Neuroimage* , **62**, 1, 408-417, (2012).