

Adaptation de domaine pour la segmentation d'images cellulaires

stage M2

Theme : Deep learning et traitement d'images

Contexte

L'analyse d'images de microscopie électronique est importante pour la compréhension du fonctionnement des cellules. L'apprentissage profond a permis depuis quelques années d'améliorer fortement la précision et la robustesse de l'analyse, rendant possible une analyse à grande échelle. Les biologistes sont ainsi capables de représenter les interactions entre les différentes organelles des cellules et potentiellement mieux comprendre leurs rôles dans l'évolution de pathologies comme le cancer.

La première étape concerne la segmentation de l'image. Segmenter consiste à assigner une classe à chaque pixel d'une image. La segmentation obtenue peut être ensuite utilisée pour extraire différentes caractéristiques de l'image et avoir des données plus précises sur les objets présents en son sein.

Une cellule est un objet en 3D pouvant être imagée de plusieurs manières. Une technique couramment utilisée consiste à obtenir une acquisition coupe par coupe en 2D pour ensuite effectuer une reconstruction 3D. La technologie d'acquisition FIB-SEM permet de réaliser ce type d'acquisition. Sur ces images il est possible de distinguer les parties constituant la cellule (Figure 1).

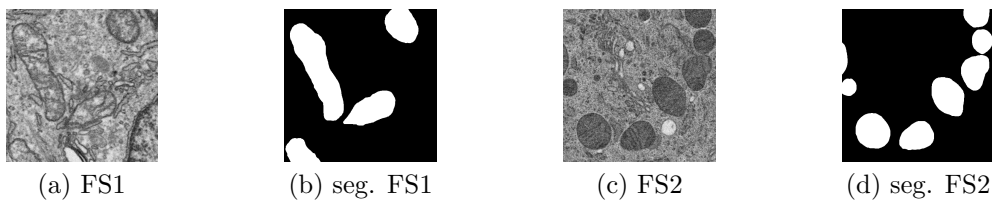


Figure 1: (a,c) Exemples d'images FIB-SEM de cellules, (b,d) les segmentations des mitochondries.

Comme ce sont des images absentes des bases généralistes, les modèles généralistes (SAM ou ceux entraînés sur les bases telles que ImageNet ou GTA/cityscape, DAFormer [1], HRDA [2], MIC [3]) échouent. Cependant, les modèles classiques de segmentation fonctionnent bien si l'on dispose d'une base d'apprentissage dédiée qui, elle, est longue à constituer. La variabilité des images produites (y compris au sein d'une même acquisition) rend la qualité de la segmentation apprise auparavant très variable voire nulle. Il faut donc refaire des annotations pour réentraîner le modèle, ce qui est coûteux en temps. Eviter cette étape de réentraînement peut être vu comme un problème d'adaptation de domaines et une thèse (A. Stenger) dans l'équipe a permis de proposer un modèle [4] ayant de bonnes capacités d'adaptation sur la classe des mitochondries et sur celle des reticulum endoplasmiques. L'objet du stage est d'explorer des améliorations possibles du modèle, d'une part sur les stratégies d'intégration de SAM et, d'autre part, en étendant en multiclassés le modèle.

Travail

Plan de travail proposé

- Compréhension de la méthode d'adaptation Re-SAMPL UDA.
- Mise en place la stratégie alternée SAM/pseudo label
- intégration de SAM en multilabel à partir de DAformer
- Application sur la base GTA/Cityscapes puis openorganelles ¹ et celle de l'IGBMC (collaboration)
- Étude de la stratégie de fusion (raffineur, stratégie curriculum, stratégie alternée)

Equipe et environnement

Encadrement

Étienne Baudrier, Antoine Bralet, laboratoire ICube - Équipe IMAGEs

Alexandre Stenger, Université Libre de Bruxelles

Contact: baudrier@unistra.fr

Equipe

Ce stage se déroulera au Laboratoire ICube dans l'équipe IMAGEs. Le campus est situé sur la commune d'Illkirch-Graffenstaden (à 20 minutes du centre-ville de Strasbourg en tramway). L'indemnité de stage est d'environ 600 € par mois.

References

- [1] Lukas HOYER, Dengxin DAI et Luc VAN GOOL : DAFormer: Improving network architectures and training strategies for domain-adaptive semantic segmentation. *In Computer Vision and Pattern Recognition (CVPR), Proceedings*, pages 9924–9935, 2022.
- [2] Lukas HOYER, Dengxin DAI et Luc VAN GOOL : HRDA: Context-aware high-resolution domain-adaptive semantic segmentation. *In European Conference on Computer Vision (ECCV), Proceedings*, pages 372–391, 2022.
- [3] Lukas HOYER, Dengxin DAI, Haoran WANG et Luc VAN GOOL : MIC: Masked image consistency for context-enhanced domain adaptation. *In Computer Vision and Pattern Recognition (CVPR), Proceedings*, pages 11721–11732, 2023.
- [4] Alexandre STENGER, Étienne BAUDRIER, Nicolas PASSAT et Benoît NAEGEL : Unsupervised domain adaptation in biomedical images segmentation with guided diffusion generative prior. Rapport technique, ICube, Sept 2024.

¹<https://github.com/janelia-cellmap/openorganelle>