

## Analyse automatique d'architectures racinaires à partir d'images de la plateforme de phénotypage à haut-débit

### Equipes :

M2P2 : *Modèles et Méthodes pour le Phénotypage des Plantes* Inria Zenith team & CIRAD Institut de Biologie Computationnelle, Montpellier

Atelier de phénotypage racinaire, BPMP (Biochimie et Physiologie Moléculaire des Plantes), Institut de Biologie Intégrative des Plantes, Campus INRA/SupAgro

### Responsables du stage:

Christophe Pradal ([christophe.pradal@inria.fr](mailto:christophe.pradal@inria.fr), 04 67 14 97 94) et Philippe Nacry ([philippe.nacry@inra.fr](mailto:philippe.nacry@inra.fr); 04 99 61 27 08).

### Contexte :

Les changements climatiques et les contraintes écologiques actuelles entraînent une transformation de l'agriculture. Longtemps sélectionnées sur la de performances en conditions optimales, les nouvelles variétés devront être plus résitantes et résilientes face aux contraintes climatiques et moins consommatrices en ressources du sol. Dans ce contexte, les racines représentent un enjeu central en biologie des plantes et en agronomie. En premier lieu, les racines prélèvent l'eau et les nutriments minéraux du sol et la manière dont ces fonctions vitales sont ajustées tant en conditions optimales qu'en cas de stress sont primordiales pour assurer une nutrition optimale. Ces besoins ont entraîné une forte augmentation de l'intérêt porté aux études des systèmes racinaires. Toutefois, l'accès au système racinaire, désigné comme la moitié cachée des plantes, est difficile de plus il présente un très haut niveau de complexité et est très plastique. Les méthodes d'acquisition actuelles permettant de produire des données image à haut-débit et le développement de méthodes de traitement de ces données représentent un défi majeur pour ce domaine scientifique.

Plusieurs plateformes de prise de vue du système racinaire ont été développées. De même certains outils d'analyse d'images existant tel que WinRhizo [Arsenault et al., 1995] ou GiaRoot [Galkovskiy et al., 2012] permettent le calcul automatique de mesures globales du système racinaire (répartition de la longueur racinaire par classes de diamètres, aire totale, ...). D'autres, comme DART [Le Bot et al., 2010] ou SmartRoot [Lobet et al., 2011] fournissent des outils d'annotation manuelle ou semi-automatique de structure racinaires. Cependant, il n'existe pas d'outil permettant l'extraction et l'analyse à haut débit de ce type de données structurales. Un premier logiciel (<http://rhizoscan.readthedocs.io>) a été développé pour automatiser l'extraction du squelette de systèmes racinaires de plantes cultivées su milieu gélosé. Néanmoins, bien qu'automatique, l'approche manque de robustesse pour analyser de grands volumes de données. Son optimisation est donc indispensable pour traiter les images issues de la chaîne d'acquisition automatique déjà mise en place et permettant d'imager 1000 systèmes racinaires par jour.

### Objectif :

L'objectif de ce projet de master est de reprendre les algorithmes implémentés et de les améliorer afin de pouvoir traiter un grand nombre d'images à très haute résolution, à la fois à un temps donné et sur une cinétique de croissance.

Dans un premier temps, les différentes étapes à réaliser sont :

- La segmentation binaire des images qui sélectionne les régions d'avant-plan (foreground)
- La partition de ces régions pour séparer zones racinaires, boîte de pétri et parties végétales non-racinaires (graines ou feuilles) permettant de distinguer automatiquement chacune des plantes et le départ des arborescences racinaires.
- L'extraction d'une représentation sous forme de graphe des régions racinaires visibles dans l'image, puis l'estimation des structures hiérarchiques à partir de ces graphes sous la forme d'arborescences axiales (*Multi-scale Tree Graph*, standard utilisé dans OpenAlea, [Godin et al. 1998])
- Finalement, l'algorithme sera étendu à l'extraction du squelette à partir d'une série temporelle de systèmes racinaires en croissance.

### Profil de l'étudiant

- Etudiant de Master en informatique– avec une forte composante en analyse d'image.
- Goût pour le travail pluri-disciplinaire (le travail sera réalisé en étroite collaboration avec un chercheur en biologie sur l'atelier de phénotypage racinaire).
- Bon niveau en programmation Python.
- Qualités rédactionnelles

## References

- Arsenault JL, Pouleur S, Messier C, Guay R. 1995.** WinRHIZO™, a root-measuring system with a unique overlap correction method. *HortScience* 30
- Galkovskyi T, Mileyko Y, Bucksch A, et al. 2012.** GiA Roots: software for the high throughput analysis of plant root system architecture. *BMC Plant Biology* 12:116
- Godin C, Caraglio Y. 1998.** A multiscale model of plant topological structures. *Journal of Theoretical Biology*
- Gojon et al. 2010,** Rhizopolis: a federative project for plant root research, *Agropolis foundation*
- Le Bot J, Serra V, Fabre J, Draye X, Adamowicz S, Pagès L. 2010.** DART: a software to analyse root system architecture and development from captured images. *Plant and Soil* 326:261-273
- Lobet G, Pagès L, Draye X. 2011.** A Novel Image Analysis Toolbox Enabling Quantitative Analysis of System Architecture. *Plant Physiology* 157:29-39
- Pradal C, Dufour-Kowalski S, Boudon F, Fournier C, Godin C. 2008.** OpenAlea: a visual programming and component-based software platform for plant modelling. *Functional Plant Biology* 35, 751–760.
- Lobet G, et al. 2015. Root System Markup Language: Toward a Unified Root Architecture Description Language. *Plant Physiology* 167 (3) 617-627