Méthodes modernes d'analyse de données en biophysique analytique: Résolution des problèmes inverses en RMN DOSY et MS

## Afef Cherni Directeur de thèse: Marc-André Delsuc Co-encadrante: Émilie Chouzenoux

#### Strasbourg, le 20 septembre 2018









1/48

Spectrométrie de masse

## Plan

- Introduction
- Analyse des données RMN de type DOSY
- Déconvolution des massifs isotopiques en MS
- Conclusions & Perspectives

## Spectrométrie de masse







- Objet d'intérêt :  $\mathbf{x} \in \mathbb{R}^N$
- Mesure :  $\mathbf{y} \in \mathbb{R}^{M}$
- Perturbations :  $\mathbf{b} \in \mathbb{R}^M$

$$\mathbf{y} = \boldsymbol{T}(\mathbf{x}) + \mathbf{b} \tag{1}$$

- Trouver x à partir de y : Problème inverse [Hadamard, 1902] :
- bien posé : Existence Unicité Continuité
- mal posé

- Trouver x à partir de y : Problème inverse [Hadamard, 1902] :
- bien posé : Existence Unicité Continuité
- mal posé
- ► Si M > N : Méthodes des moindres carrées :

$$\underset{\mathbf{x}\in\mathbb{R}^{N}}{\text{minimiser}} \|\boldsymbol{T}(\mathbf{x}) - \mathbf{y}\|^{2}$$
(2)

- Trouver x à partir de y : Problème inverse [Hadamard, 1902] :
- bien posé : Existence Unicité Continuité
- mal posé
- ► Si M > N : Méthodes des moindres carrées :

$$\min_{\mathbf{x} \in \mathbb{R}^{N}} \| \boldsymbol{T}(\mathbf{x}) - \mathbf{y} \|^{2}$$
(2)

• Si M = N : Inversion de l'opérateur de mesure :

$$\hat{\mathbf{x}} = \boldsymbol{T}^{-1}(\mathbf{y}) \tag{3}$$

- Trouver x à partir de y : Problème inverse [Hadamard, 1902] :
- bien posé : Existence Unicité Continuité
- mal posé
- Si M > N : Méthodes des moindres carrées :

$$\min_{\mathbf{x}\in\mathbb{R}^{N}} \|\boldsymbol{T}(\mathbf{x}) - \mathbf{y}\|^{2}$$
(2)

• Si M = N : Inversion de l'opérateur de mesure :

$$\hat{\mathbf{x}} = \boldsymbol{T}^{-1}(\mathbf{y}) \tag{3}$$

- Si M < N: Ajout d'une information à priori f:
- Approche sous contraintes :

$$\min_{\mathbf{x} \in \mathbb{R}^N} \inf f(\mathbf{x}) \quad \text{tel que } \| \boldsymbol{T}(\mathbf{x}) - \mathbf{y} \| \le \eta$$
 (4)

 $\diamond$  Approche de régularisation :

$$\min_{\mathbf{x} \in \mathbb{R}^{N}} \| \boldsymbol{T}(\mathbf{x}) - \mathbf{y} \|^{2} + \lambda f(\mathbf{x})$$
 (5)

- Trouver x à partir de y : Problème inverse [Hadamard, 1902] :
- bien posé : Existence Unicité Continuité
- mal posé
- Si M > N : Méthodes des moindres carrées :

$$\min_{\mathbf{x}\in\mathbb{R}^{N}} \|\boldsymbol{T}(\mathbf{x}) - \mathbf{y}\|^{2}$$
(2)

• Si M = N : Inversion de l'opérateur de mesure :

$$\hat{\mathbf{x}} = \boldsymbol{T}^{-1}(\mathbf{y}) \tag{3}$$

• Si M < N : Ajout d'une information à priori f :



Exemples :

- Entropie maximale
- Positivité
- Énergie (Tikhonov)
- etc.

- Trouver x à partir de y : Problème inverse [Hadamard, 1902] :
- bien posé : Existence Unicité Continuité
- <mark>mal posé</mark>
- Si M > N : Méthodes des moindres carrées :

$$\min_{\mathbf{x}\in\mathbb{R}^{N}} \|\boldsymbol{T}(\mathbf{x}) - \mathbf{y}\|^{2}$$
(2)

• Si M = N : Inversion de l'opérateur de mesure :

$$\hat{\mathbf{x}} = \boldsymbol{T}^{-1}(\mathbf{y}) \tag{3}$$

Si M < N : Ajout d'une information à priori f :</p>



Exemples :

- Entropie maximale
- Positivité
- Énergie (Tikhonov)
- etc.

#### Objectif

Résoudre les problèmes inverses mal-posés en :

- Résonance magnétique nucléaire de type DOSY
- Spectrométrie de masse

#### Objectif

Résoudre les problèmes inverses mal-posés en :

- Résonance magnétique nucléaire de type DOSY
- Spectrométrie de masse

#### Notations

• scalaire :  $x \in \mathbb{R}$ 

• vecteur : 
$$\mathbf{x} = (x_1, x_2, ..., x_N) \in \mathbb{R}^N$$

• matrice :  $\mathbf{A} \in \mathbb{R}^{M \times N}$  (*M* lignes, *N* colonnes)

### Première partie : Analyse des données RMN de type DOSY

Spectrométrie de masse

# RMN de type DOSY

- RMN : Résonance Magnétique Nucléaire
- une technique qui permet d'étudier les interactions chimiques, déterminer les déplacement chimiques, etc.
- Mouvement de procession de Larmor
  - $\vec{B}_0$  : Champ magnétique.

  - $\vec{w}_0 = \gamma \vec{B}_0$  : Fréquence de Larmor.



Spectrométrie de masse

Conclusion

# RMN de type DOSY

- ► RMN : Résonance Magnétique Nucléaire
- une technique qui permet d'étudier les interactions chimiques, déterminer les déplacement chimiques, etc.
- Mouvement de procession de Larmor
  - B
    <sup>^</sup>
    B
    <sup>^</sup>
    Champ magnétique.
    <sup>^</sup>
  - $\vec{\gamma}$ : Moment du spin.
  - $\vec{w}_0 = \gamma \vec{B}_0$  : Fréquence de Larmor.



- DOSY : Diffusion Ordered SpectroscopY
- une expérience RMN qui mesure les coefficients de diffusion
  - Représentation 2D
  - Déplacement chimique (axe horizontal)
  - Coefficients de diffusion (axe vertical)



Spectrométrie de masse

## Problématique

• Signal mesuré monodisperse :

$$I(q) = I_0 \exp(-D\Delta q^2)$$

- I : Intensité mesurée.
- ▲ : Temps de diffusion.
- $q = \gamma \delta g$  : Phase de dispersion.

Spectrométrie de masse

Conclusion

## Problématique



Spectrométrie de masse

Conclusion

## Problématique



Spectrométrie de masse

ΤL

D

 $q^2$ 

Conclusion

D

Ď

## Problématique

• Signal mesuré monodisperse :

$$I(q) = I_0 \exp(-D\Delta q^2)$$

- → profil parcimonieux
- Signal mesuré **polydisperse** :

$$I(q) = \int_{D_{\min}}^{D_{\max}} x(D) \exp(-D\Delta q^2) dD$$

→ profil <mark>étalé</mark>

Modélisation discrète

$$\mathbf{y} = \mathbf{H}\mathbf{x} + \mathbf{k}$$



TL

Spectrométrie de masse

Conclusion

# Problématique



Spectrométrie de masse

# État de l'art

Méthodes proposées

CONTIN	MaxEnt	ITAMeD	TRAIn	tailoredITAMeD
1982	1998	2013	2014	2016

Méthodes proposées

CONTIN	MaxEnt	ITAMeD	TRAIn	tailoredITAMeD
1982	1998	2013	2014	2016

**CONTIN** : CONTINuous diffusion coefficient [Provencher, 1982] • Principe : Méthode des moindres carrées avec contrainte de positivité

$$\min_{\mathbf{x} \in \mathbb{R}^N \atop \mathbf{x} \in \mathbb{R}^N} \| \boldsymbol{H} \mathbf{x} - \mathbf{y} \|^2 \quad \text{tel que} \quad \mathbf{x} \ge 0$$

• Rappel :

$$(\forall \mathbf{x} = (x_1, x_2, ..., x_N) \in \mathbb{R}^N) \quad \mathbf{x} \ge 0 \Leftrightarrow x_i \ge 0$$

• Langage : Fortran

# État de l'art

### Méthodes proposées

CONTIN	MaxEnt	ITAMeD	TRAIn	tailoredITAMeD
1982	1998	2013	2014	2016

MaxEnt : Maximum ENtropy [Delsuc and Malliavin, 1998] • Principe : Régularisation avec l'entropie maximale

$$\underset{\mathbf{x}\in\mathbb{R}^{N}}{\text{minimiser}} \quad \frac{1}{2}\|\boldsymbol{H}\mathbf{x}-\mathbf{y}\|^{2}+\lambda \operatorname{ent}(\mathbf{x})$$

 $\circ$  Rappel : Maximiser l'entropie  $\Leftrightarrow$  Minimiser - l'entropie :

$$(\forall \mathbf{x} \in \mathbb{R}^N) \quad \text{ent}(\mathbf{x}) = \sum_{i=1}^N \text{ent}(x_i) \quad \text{avec} \quad \text{ent}(x_i) = \begin{cases} x_i \log x_i & \text{si} & x_i > 0\\ 0 & \text{si} & x_i = 0\\ +\infty & \text{sinon} \end{cases}$$

• Langage : Fortran

### Méthodes proposées

CONTIN	MaxEnt	ITAMeD	TRAIn	tailoredITAMeD
1982	1998	2013	2014	2016

ITAMeD : Iterative Thresholding Algorithm for Multi-exponentiel Decay [Urbanczyk et al., 2013]

 $\circ$  Principe : Régularisation avec la norme  $\ell_1$ 

$$\underset{\mathbf{x}\in\mathbb{R}^{N}}{\text{minimiser}} \quad \frac{1}{2}\|\boldsymbol{H}\mathbf{x}-\mathbf{y}\|^{2}+\lambda\ell_{1}(\mathbf{x})$$

• Rappel :

$$(\forall \mathbf{x} \in \mathbb{R}^N) \quad \ell_1(\mathbf{x}) = \sum_{i=1}^N |x_i|$$

• Langage : MATLAB

## Méthodes proposées

CONTIN	MaxEnt	ITAMeD	TRAIn	tailoredITAMeD
1982	1998	2013	2014	2016

**TRAIn** : Trust-Region Algorithm for Inversion of Molecular Diffusion NMR [Xu and Zhang, 2014]

• Principe : Minimisation sous contrainte adaptative

$$\underset{\mathbf{x} \in \mathbb{R}^{N}}{\text{minimiser}} \quad \frac{1}{2} \| \boldsymbol{H} \mathbf{x}^{(k)} - \mathbf{y} \|^{2} \quad \text{tel que} \quad \| \mathbf{x}^{(k)} - \mathbf{x}^{(k-1)} \|_{2}^{2} \le r^{(k)}$$

(*r<sub>k</sub>* désigne le rayon de la région de confiance à la *k*<sup>ème</sup> itération) • Langage : MATLAB

### Méthodes proposées

CONTIN	MaxEnt	ITAMeD	TRAIn	tailoredITAMeD
1982	1998	2013	2014	2016

tailored ITAMeD : Iterative Thresholding Algorithm for Multi-exponentiel Decay [Urbańczyk et al., 2016]  $\circ$  Principe : Régularisation avec la norme  $\ell_p^P$ 

$$\underset{x \in \mathbb{R}^{N}}{\text{minimiser}} \quad \frac{1}{2} \|\boldsymbol{H}x - y\|^{2} + \lambda \ell_{p}^{p}(x)$$

• Rappel :

$$(\forall x \in \mathbb{R}^N) \quad \ell_p(x) = \left(\sum_{i=1}^N |x_i|^p\right)^{\frac{1}{p}}$$

• Langage : MATLAB

Spectrométrie de masse

## Comparaison

Algorithmes	Complexité	Robustesse	Profil		Stratégie	À priori	Preuve
	de calcul	% bruit	monodisperse	polydisperse	d'optimisation	physique	de convergence
CONTIN	×	×	=	=	programmation quadratique	Positivité	×
MaxEnt	×	$\checkmark$	=	$\checkmark$	régularisation adaptative	Entropie	$\checkmark$
ITAMeD	=	=	$\checkmark$	×	seuillage itératif	Parcimonie	$\checkmark$
TRAIn	$\checkmark$	=	=	$\checkmark$	régularisation itérative	non explicite	×
tailored ITAMeD	×	=	$\checkmark$	$\checkmark$	moindre carrée pondérée	Entropie/Parcimonie	×

## Comparaison

Algorithmes	Complexité	Robustesse	Profil		Stratégie	À priori	Preuve
	de calcul	% bruit	monodisperse	polydisperse	d'optimisation	physique	de convergence
CONTIN	×	×	=	=	programmation quadratique	Positivité	×
MaxEnt	×	$\checkmark$	=	$\checkmark$	régularisation adaptative	Entropie	$\checkmark$
ITAMeD	=	=	$\checkmark$	×	seuillage itératif	Parcimonie	$\checkmark$
TRAIn	$\checkmark$	=	=	$\checkmark$	régularisation itérative	non explicite	×
tailored ITAMeD	×	=	$\checkmark$	$\checkmark$	moindre carrée pondérée	Entropie/Parcimonie	×

### X Aucune méthode n'est satisfaisante !

#### Objectif

Développer une approche rapide et robuste avec un modèle à priori adapté et des garanties de convergence solides, qui permet de résoudre le problème inverse en DOSY quelque soit le type de données : monodisperse et polydisperse.

Spectrométrie de masse

## Nouvelle approche

#### Principe : Minimisation sous contrainte

Spectrométrie de masse

Conclusion

# Nouvelle approche

### Principe : Minimisation sous contrainte

Régularisation : hybride

$$(\forall \mathbf{x} \in \mathbb{R}^{N}, \alpha \ge 0, \beta \ge 0)$$
  $\Psi(\mathbf{x}) = \underbrace{\alpha \Psi_{1}(\mathbf{x})}_{\text{Entropie}} + \underbrace{\beta \Psi_{2}(\mathbf{x})}_{\text{Parcimonie}}$ 

Spectrométrie de masse

Conclusion

## Nouvelle approche

### Principe : Minimisation sous contrainte

Régularisation : hybride

$$(\forall \mathbf{x} \in \mathbb{R}^N, \alpha \ge 0, \beta \ge 0)$$
  $\Psi(\mathbf{x}) = \underbrace{\alpha \Psi_1(\mathbf{x})}_{\text{Entropie}} + \underbrace{\beta \Psi_2(\mathbf{x})}_{\text{Parcimonie}}$ 

- Si  $\alpha$  = 0 : L'algorithme ITAMeD
- Si  $\beta$  = 0 : L'algorithme MaxEnt

Spectrométrie de masse

# Nouvelle approche

### Entropie

$$\Psi_1: \quad \mathbb{R}^N \to ] - \infty, +\infty]$$
$$\mathbf{x} \to \sum_{i=1}^N \psi_1(x_i)$$

Critère d'entropie 
$$\psi_1$$
 $x \log(x) + \iota_{[0,+\infty)}(x)$ Shannon $-\log(x) + \iota_{[0,+\infty)}(x)$ Burg

Spectrométrie de masse

# Nouvelle approche

### Entropie

$$\Psi_{1}: \mathbb{R}^{N} \to ]-\infty, +\infty]$$
$$\mathbf{x} \to \sum_{i=1}^{N} \psi_{1}(x_{i})$$

Critère d'entropie 
$$\psi_1$$
 $x \log(x) + \iota_{[0,+\infty)}(x)$ Shannon $-\log(x) + \iota_{[0,+\infty)}(x)$ Burg

### Parcimonie

$$\Psi_2: \quad \mathbb{R}^N \to \mathbb{R}$$
$$\mathbf{x} \to \sum_{i=1}^N \psi_2(x_i)$$

Critère de parcimonie $\psi_2$				
x  <sup>0</sup>	$\ell_0$			
<i>x</i>	$\ell_1$			
$\log(\delta +  x ), \ \delta > 0$	log-sum			
$\log(\delta + x^2), \ \delta > 0$	Cauchy			

Spectrométrie de masse

Shannon

Burg

# Nouvelle approche

### Entropie

$$\begin{aligned} \Psi_{1}: \quad \mathbb{R}^{N} \rightarrow ] - \infty, +\infty ] & \qquad \frac{\text{Critère d'entropie } \psi_{1}}{x \rightarrow \sum_{i=1}^{N} \psi_{1}(x_{i})} & \qquad \frac{1}{x \log(x) + \iota_{[0,+\infty)}(x)} & Sh_{1} \\ -\log(x) + \iota_{[0,+\infty)}(x) & B\iota_{2} \end{aligned}$$

#### Parcimonie

$$\begin{split} \Psi_{2}: & \mathbb{R}^{N} \to \mathbb{R} \\ & \mathbf{x} \to \sum_{i=1}^{N} \psi_{2}(x_{i}) \\ & \begin{array}{c} \text{Critère de parcimonie } \psi_{2} \\ & |x|^{0} & \ell_{0} \\ & |x| & \ell_{1} \\ & \log(\delta + |x|), \ \delta > 0 & \log\text{-sum} \\ & \log(\delta + x^{2}), \ \delta > 0 & Cauchy \\ \end{array} \end{split}$$

 $\underset{\mathbf{x} \in \mathbb{R}^{N}}{\text{minimiser}} \quad \Psi(\mathbf{x}) \quad \text{tel que } \| \mathbf{H}\mathbf{x} - \mathbf{y} \| \leq \eta$ 

Spectrométrie de masse

# Opérateur proximal

## Définition (http://proximity-operator.net/)

Soit  $\Psi : \mathbb{R} \to ] - \infty, +\infty$ ] une fonction propre semi-continue inférieurement (lsc). L'opérateur proximal de  $\Psi$  est défini comme suit *[Hiriart-Urruty and Lemaréchal, 1993, Bauschke and Combettes, 2011]* :

$$\begin{aligned} \mathsf{prox}_{\Psi} : \quad \mathbb{R}^{\mathbb{N}} &\mapsto \mathbb{R}^{\mathbb{N}} \\ & \mathsf{x} &\mapsto \underset{\mathsf{y} \in \mathbb{R}^{\mathbb{N}}}{\mathsf{Argmin}} \left( \Psi(\mathsf{y}) + \frac{1}{2} \| \mathsf{y} - \mathsf{x} \|^2 \right) \end{aligned}$$
Spectrométrie de masse

## Opérateur proximal

#### Définition

Soit  $\Psi : \mathbb{R} \to ] - \infty, +\infty$ ] une fonction propre semi-continue inférieurement (lsc). L'opérateur proximal de  $\Psi$  est défini comme suit *[Hiriart-Urruty and Lemaréchal, 1993, Bauschke and Combettes, 2011]* :

$$\begin{aligned} \mathsf{prox}_{\Psi} : \quad \mathbb{R}^{\mathbb{N}} &\mapsto \mathbb{R}^{\mathbb{N}} \\ \mathsf{x} &\mapsto \mathop{\mathsf{Argmin}}_{\mathsf{y} \in \mathbb{R}^{\mathbb{N}}} \left( \Psi(\mathsf{y}) + \frac{1}{2} \| \mathsf{y} - \mathsf{x} \|^2 \right) \end{aligned}$$

• Exemple : Soit C un espace fermé non vide.

$$\iota(x): x \to \begin{cases} 0 & \text{si } x \in C \\ +\infty & \text{sinon} \end{cases}$$

$$(\forall x \in C) \quad \text{prox}_{\iota_C}(x) = \operatorname{argmin}_{y \in C} \frac{1}{2} ||x-y||^2 = P_C(x)$$

13/48

Spectrométrie de masse

## Opérateur proximal

#### Définition

Soit  $\Psi : \mathbb{R} \to ] - \infty, +\infty$ ] une fonction propre semi-continue inférieurement (lsc). L'opérateur proximal de  $\Psi$  est défini comme suit *[Hiriart-Urruty and Lemaréchal, 1993, Bauschke and Combettes, 2011]* :

$$\begin{aligned} \mathsf{prox}_{\Psi} : \quad \mathbb{R}^{\mathbb{N}} &\mapsto \mathbb{R}^{\mathbb{N}} \\ \mathbf{x} &\mapsto \operatorname*{Argmin}_{\mathbf{y} \in \mathbb{R}^{\mathbb{N}}} \left( \Psi(\mathbf{y}) + \frac{1}{2} \| \mathbf{y} - \mathbf{x} \|^2 \right) \end{aligned}$$

#### Propriété de séparabilité

Pour tout  $i \in \{1, ..., N\}$  et pour  $\mathbf{x} = (x_1, ..., x_N)$  :

$$\operatorname{prox}_{\Psi}(\mathbf{x}) = (p(x_i))_{1 \le i \le N}$$

avec 
$$p(x_i) = \operatorname{prox}_{\alpha\psi_1 + \beta\psi_2}(x_i)$$

Spectrométrie de masse

## Opérateurs proximaux pour une régularisation hybride (1/2)

#### • Cas de l'entropie de Shannon ( $\psi_1$ )

$\psi_2$	$\operatorname{prox}_{\alpha\psi_1+\beta\psi_2}(x)  / x \in \mathbb{R}$		
$\beta = 0$	$lpha \mathcal{W}\left((1/lpha)\exp\left((x/lpha)-1 ight) ight)$		
$\ell_1$	$\alpha \mathcal{W}\left((1/\alpha)\exp\left((x-\beta)/\alpha-1 ight) ight)$		
$\ell_0$	$\begin{cases} p & \text{si } \beta < \overline{\beta} \\ \{0, p\} & \text{si } \beta = \overline{\beta} \\ 0 & \text{sinon} \end{cases}$		
	tel que $p = \alpha \mathcal{W}((1/\alpha) \exp((1/\alpha) - 1))$ et $\overline{\beta} = (1/2)p^2 + \alpha p \in ]0, +\infty[$		
log-sum	$\operatorname{Argmin}_{p \in ]0, +\infty[t,q \varphi(p)=0} \left( (1/2)(x-p)^2 + \psi(p) \right)$ avec $\varphi(p) = p^2 + (\delta - x + \alpha)p + \alpha(\delta + p)\log(p) + \delta(\alpha - x) + \beta$		
Cauchv	$\frac{1}{2} \frac{1}{2} \frac{1}$		
	$p \in ]0, +\infty[t, q, \varphi(p) = 0]$		
	avec $\varphi(p) = p^3 + (\alpha - x)p^2 + (\delta + 2\beta)p + \alpha(\delta + p^2)\log(p) + \delta(\alpha - x)$		

 $\mathcal{W}$  désigne la fonction de Lambert[Corless et al., 1996] : l'inverse de  $f : z \to ze^z$ .

Spectrométrie de masse

## Opérateurs proximaux pour une régularisation hybride (2/2)

#### • Cas de l'entropie de Burg ( $\psi_1$ )

$\psi_2$	$prox_{\alpha\psi_1+\beta\psi_2}(x)$			
$\beta = 0$	$(x+\sqrt{x^2+4\alpha})/2$			
$\ell_1$	$(x-\beta+\sqrt{(\beta-x)^2+4\alpha})/2$			
$\ell_0$	$(x+\sqrt{x^2+4\alpha})/2$			
log-sum	$\operatorname{Argmin}_{p \in ]0, +\infty[t.q. \varphi(p)=0} \left(\frac{1}{2}(x-p)^2 + \psi(p)\right)$			
	avec $\varphi(p) = p^3 + (\delta - x)p^2 + p(\beta - \delta x - \alpha) - \delta \alpha$			
Cauchy	$\operatorname{Argmin}_{p \in ]0, +\infty[t.q.  \varphi(p)=0} \left( \frac{1}{2} (x-p)^2 + \psi(p) \right)$			
	avec $\varphi(p) = p^4 - xp^3 + (\delta + 2\beta - \alpha)p^2 - \delta xp - \delta \alpha$			

Spectrométrie de masse

Conclusion

## Signaux synthétiques

Approches testées : Régularisations hybrides convexes :

```
\begin{array}{l} \alpha \  \, {\rm Entropie} \  \, {\rm de} \  \, {\rm Shannon} \, + \, \beta \, \ell_1 \\ \alpha \  \, {\rm Entropie} \  \, {\rm Burg} \, + \, \beta \, \ell_1 \end{array}
```

- ▶ *M* = 50, *N* = 200
- $\bullet \ \alpha + \beta = 1, \ \alpha \in [0, 1]$
- Algorithme utilisé : PPXA+ (approche proximale)
- Langage : Python



Spectrométrie de masse

Conclusion

# Résultats numériques (1/2)

• Résultats avec  $\sigma = 10^{-5}$  (niveau de bruit).



Reconstruction du signal avec différentes fonctions de régularisation

Spectrométrie de masse

# Résultats numériques (2/2)

## • Résultats avec différents niveaux de bruit

σ	Shannon	Shannon $+\ell_1$	Burg	Burg $+\ell_1$
10 <sup>-2</sup>	12.45	13.16	12.92	12.92
10 <sup>-3</sup>	18.16	20.86	12.11	13.44
10 <sup>-4</sup>	20.87	25.95	12.03	15.53

Qualité de reconstruction en dB pour différents choix de la fonction de régularisation  $\left(\frac{\|X_{sim}\|}{\|X_{sim}-X_{calc}\|} \text{ en } dB\right)$ .

 $\sim$  Choix optimal : Entropie de Shannon +  $\ell_1$ 

Spectrométrie de masse

## **Publication** 1

Afef Cherni, Emilie Chouzenoux, Marc-André Delsuc, Proximity for a class of hybrid sparsity + entropy prior. Application to DOSY NMR signal reconstruction, In Proceedings of the ISIVC, Tunis-Tunisia, November 2016.

Spectrométrie de masse

## Publication 1

Afef Cherni, Emilie Chouzenoux, Marc-André Delsuc, Proximity for a class of hybrid sparsity + entropy prior. Application to DOSY NMR signal reconstruction, In Proceedings of the ISIVC, Tunis-Tunisia, November 2016.

Régularisation hybride :

$$\Psi(\mathbf{x}) = \alpha \operatorname{ent}_{Shannon}(\mathbf{x}) + (1 - \alpha)\ell_1(\mathbf{x})$$

• PALMA : Proximal Algorithm for  $\ell_1$  combined with MAxent prior.

$$(\forall \mathbf{x} \in \mathbb{R}^N) \quad \operatorname{prox}_{\Psi}(\mathbf{x}) = (p(x_i))_{1 \le i \le N}$$

avec :

$$p(x_i) = \begin{cases} \frac{\alpha}{a} \mathcal{W}\left[\frac{a}{\alpha} \exp\left(\frac{ax_i - a(1-\alpha)}{\alpha} + \log(a) - 1\right)\right] & \text{si} \quad \alpha \in ]0, 1]\\ \text{sign}(x_i) \max\left(|x_i| - 1, 0\right) & \text{si} \quad \alpha = 0 \end{cases}$$

## Comparaison de PALMA avec d'autres algorithmes

• Signal simulé : polydisperse, N = 256, M = 64.

Algorithme	niveau du bruit			
	0.1%	0.01%	0.001%	
ITAMeD	18.65	29.04	29.40	
tailored ITAMeD	25.26	36.69	37.08	
TRAIn	28.63	26.53	19.47	
PALMA avec $\alpha$ = 0.01	28.75	41.69	53.25	

Qualité de reconstruction du signal avec différents algorithmes en variant le niveau de bruit.

→ PALMA : algorithme robuste par rapport au niveau de bruit.

Spectrométrie de masse

# Application de PALMA (1/2)



Application PALMA sur des signaux d'extrait d'algues. La ligne horizontale indique les chaines d'acides gras à  $220 \,\mu m^2 s^{-1}$ , le glycérol à  $380 \,\mu m^2 s^{-1}$  et le méthanol à  $1100 \,\mu m^2 s^{-1}$ 

21/48

Spectrométrie de masse

# Application de PALMA (2/2)



Comparaison de deux expériences DOSY : extrait d'algues : a) résultat de l'expérience initiale, b) même expérience avec 0.16 mg mL<sup>-1</sup> de chloroquine, c) le spectre 1D de l'extrait d'algue avec la chloroquine

Spectrométrie de masse

## Publication 2

Afef Cherni, Emilie Chouzenoux, Marc-André Delsuc, Improved algorithm for DOSY signal processing, Analyst, Vol. 142, No. 5, pages 772-779, 2016.

- ▶ Nouvel algorithme PALMA : robuste, fiable, et précis.
- Serveur Web : http://palma.labo.igbmc.fr.



# Conclusion 1

 ✓ Nouveaux opérateurs proximaux traitant la combinaison entre l'entropie et la parcimonie [Cherni et al., 2016].

✓ Nouvelle approche pour résoudre le problème de reconstruction des signaux DOSY quelque soit le type des données [Cherni et al., 2017].

✓ Nouveau serveur web gratuit, disponible en ligne pour toute analyse DOSY https://palma.labo.igbmc.fr.

## Deuxième partie : Déconvolution des massifs isotopiques en MS

Spectrométrie de masse

# MS

- Spectrométrie de Masse :
- Une méthode de mesure des rapports masse/charge
- 1919, Joseph John Thomson.

Spectrométrie de masse

# MS

- Spectrométrie de Masse :
- Une méthode de mesure des rapports masse/charge
- 1919, Joseph John Thomson.
- Utilité :
- Pharmacie & Clinique / Métabolimique / Sécurité alimentaire / Environnement.

Spectrométrie de masse

# MS

- Spectrométrie de Masse :
- Une méthode de mesure des rapports masse/charge
- 1919, Joseph John Thomson.
- Utilité :
- Pharmacie & Clinique / Métabolimique / Sécurité alimentaire / Environnement.
- Principe :



26/48

Spectrométrie de masse

# Problématique (1/3)

Application d'intérêt : L'analyse protéomique.
 Déterminer la masse monoisotopique des protéines.

#### Rappel : Protéines

- Grosses molécules formées de longues chaines d'acides aminés.
- Formule générique :  $C_{N_C}H_{N_H}O_{N_O}N_{N_N}S_{N_S}$
- Massifs isotopiques : différentes probabilités d'apparition.
- Exemple :



Spectrométrie de masse

# Problématique (1/3)

Application d'intérêt : L'analyse protéomique.
 Déterminer la masse monoisotopique des protéines.

#### Rappel : Protéines

- Grosses molécules formées de longues chaines d'acides aminés.
- Formule générique :  $C_{N_C}H_{N_H}O_{N_O}N_{N_N}S_{N_S}$
- Massifs isotopiques : différentes probabilités d'apparition.



Spectrométrie de masse

# Problématique (2/3)

- X Massif isotopique ~ plusieurs pics moléculaires.
- X Massif isotopique multi-chargé ~ plusieurs profils superposés.
- X Basse résolution ~ pics non détectables



- X Niveau de bruit élevé
- **X** Spectre de masse de grande dimension (> 500k)

#### Objectif

Déterminer les masses monoisotopiques à partir d'un spectre de masse mesuré avec ces conditions, pour identifier les protéines.

# Problématique (3/3)

 Modèle Averagine [Senko et al., 1994] : une modélisation des protéines qui permet de déterminer la distribution la plus adéquate à une masse donnée :

$$\begin{array}{rcl} \mathcal{A}: & \mathbb{R}_+ \times \mathbb{N}^* & \rightarrow & \mathbb{R}_+ \\ & & (m,z) & \rightarrow & \mathsf{d}(m,z) \end{array}$$

# Problématique (3/3)

 Modèle Averagine [Senko et al., 1994] : une modélisation des protéines qui permet de déterminer la distribution la plus adéquate à une masse donnée :

$$\begin{array}{rcl} \mathcal{A}: & \mathbb{R}_+ \times \mathbb{N}^* & \rightarrow & \mathbb{R}_+ \\ & (m,z) & \rightarrow & \mathsf{d}(m,z) \end{array}$$

Rappel :

Problème de DOSY	Problème en MS
Trouver x à partir de y :	Trouver x à partir de y :
	X Pas de modèle de mesure explicite
$\mathbf{y} = \mathbf{H}\mathbf{x} + \mathbf{b}$	🗡 Modèle d'averagine ${\cal A}$ non linéaire
· · · · · · · · · · · · · · · · · · ·	X Grande dimension des mesures
Modèle <b>H</b> connu (TL)	× Bruit intense

### → Problème inverse complexe à résoudre

# État de l'art

## Méthodes proposées

- Approche Bayésienne par entropie maximale [Ferrige et al., 1991]
  - X Lente convergence
- Technique du peak-picking
  - Une approche par référence
  - × Non applicable avec un spectre de basse résolution
- L'algorithme NITPICK [Renard et al., 2008]
  - Débruitage avec régularisation  $\ell_1$
  - X Technique de peak picking
- Approche NNLS [Slawski et al., 2012]
  - Débruitage sous contrainte de positivité
  - X Technique de peak picking

X Aucune méthode n'est satisfaisante !

Spectrométrie de masse

# Approche par dictionnaire

Pour une mesure formée de P molécules ayant différentes masses monoisotopiques  $m_p^{\text{iso}} \in (0, +\infty)$ , de charges  $z_p \in \mathbb{N}^*$  et d'abondance  $a_p \in (0, +\infty)$  :  $\mathbf{y} = \sum_{p=1}^{P} a_p \mathbf{d}(m_p^{\text{iso}}, z_p) + \mathbf{b}$  (5) •  $\mathbf{y} \in \mathbb{R}^M$  : spectre MS mesuré •  $\mathbf{d}(m_p^{\text{iso}}, z_p)$  : distribution de masse associée à la masse monoisotopique  $m_p^{\text{iso}}$  et la charge  $z_p$ •  $\mathbf{b}$  : bruit

Spectrométrie de masse

## Approche par dictionnaire

Pour une mesure formée de P molécules ayant différentes masses monoisotopiques  $m_p^{\text{iso}} \in (0, +\infty)$ , de charges  $z_p \in \mathbb{N}^*$  et d'abondance  $a_p \in (0, +\infty)$  :  $\mathbf{y} = \sum_{p=1}^{P} a_p \mathbf{d}(m_p^{\text{iso}}, z_p) + \mathbf{b}$  (5) •  $\mathbf{y} \in \mathbb{R}^M$  : spectre MS mesuré •  $\mathbf{d}(m_p^{\text{iso}}, z_p)$  : distribution de masse associée à la masse monoisotopique  $m_p^{\text{iso}}$  et la charge  $z_p$ •  $\mathbf{b}$  : bruit

Pour *M* masses et *Z* charges, on définit une grille de taille T = MZ, et on construit le dictionnaire  $D \in \mathbb{R}^{M \times T}$ :

$$\mathsf{D} = [\mathsf{D}_1, \mathsf{D}_2, ..., \mathsf{D}_{\mathsf{Z}}] \tag{6}$$

•  $\mathbf{D}_{\ell}$  : Dictionnaire associé à la charge d'indice  $\ell$ 

• La *i*-ème colonne de  $D_{\ell}$  est la distribution de masse déterminée avec le modèle averagine à la *i*ème position sur la grille.

Spectrométrie de masse

# Approche par dictionnaire

#### Construction du dictionnaire



Spectrométrie de masse

# Approche par dictionnaire

#### Construction du dictionnaire



Problème inverse mal-posé : y = Dx + b

31/48

# Stratégie d'optimisation

Ψ : ℝ<sup>T</sup> → ] - ∞, +∞] fonction de régularisation utilisée pour renforcer la parcimonie et la positivité du signal cible
 η > 0 paramètre lié au niveau de bruit

#### Choix adoptés

- $\Psi = \ell_1$  : critère de parcimonie convexe
- Algorithme Primal Dual : Aucune inversion matricielle & Convergence garantie [Chambolle and Pock, 2011]
- Langage : Python

# Approximation circulante

## Difficultés

- X Grande dimension du dictionnaire T = MZ
- → complexité de calcul
- → large mémoire de stockage

# Hypothèse

Le profil isotopique est localement stable  $\sim$  Décomposer l'axe de masse en fenêtres de taille *L* 

## Nouveau dictionnaire

$$\overline{\mathbf{D}} = [\overline{\mathbf{D}}_1, \overline{\mathbf{D}}_2, ..., \overline{\mathbf{D}}_Z]$$
(6)

$$\overline{\mathbf{D}}_{\boldsymbol{\ell}} = \mathsf{BDiag}\left(\left[\mathsf{Circ}\left(\overline{\mathbf{d}}_{s,\boldsymbol{\ell}}\right)\right]_{1 \le s \le M/L}\right) \tag{7}$$

Spectrométrie de masse

## Approximation circulante



- Mémoire de stockage réduite
- Simplicité de calcul avec la Transformée de Fourier

Spectrométrie de masse

# Résultats de simulation (1/3)

#### Signal simulé A

• M = 5000, P = 50 protéines

• 
$$Z = 3$$
,  $z_{min} = 1$ ,  $z_{max} = 3$ 

- Bruit gaussien,  $\sigma = 10^{-2}$
- Axe de masse = [1000, 1100] Daltons
- D de dimension (5000, 15000) : 572 MB.



34/48

Spectrométrie de masse

# Résultats de simulation (1/3)

#### Signal simulé A

- M = 5000, P = 50 protéines
- Z = 3,  $z_{min} = 1$ ,  $z_{max} = 3$
- Bruit gaussien,  $\sigma = 10^{-2}$
- Axe de masse = [1000, 1100] Daltons
- D de dimension (5000, 15000) : 572 MB.



34/48

Spectrométrie de masse

# Résultats de simulation (2/3)



Résultat de reconstruction :

Signal original (--) Signal reconstruit avec D(x) Signal reconstruit avec  $\overline{D}(\bullet)$ 

# Résultats de simulation (3/3)

### Effet du bruit? Mémoire de stockage?

σ	Approche par dictionnaire exact			Approximation circulante		
	RSB	Temps	Mémoire	RSB	Temps	Mémoire
1	16.18	303.33		15.57	127.85	
0.1	35.73	206.84	572	35.43	44.48	0.53
0.01	39.56	377.80		38.38	290.56	

RSB (en dB), temps de calcul (en s) et mémoire de stockage (en MB) pour la reconstruction du signal A pour différents niveaux de bruit. L'approximation circulante est testée pour L = 10.

 Bonne qualité de reconstruction quelque soit le niveau de bruit.
 L'approximation circulante est plus rapide que l'approche par dictionnaire exacte avec une légère dégradation, mais une optimisation de mémoire très importante.

# Mesures réelles

### Paramètres de mesure

- peptide EVEALEKKVAALESKVQALEKKVEALEHG-NH2
- 3 µM (C<sub>140</sub>H<sub>240</sub>N<sub>38</sub>O<sub>45</sub>)
- Forme trimère à partir de 50 mM de NH<sub>4</sub>OAc
- BRUKER Solarix 15 T, instrument FT-ICR, source ESI
- *M* = 8.130.981 sur [153.57, 4999.96] Daltons

### Approche par dictionnaire exact?

**D** de dimension ( $M = 8.130.981, M = 8.130.981 \times z$ ) avec  $z \ge 1$ : plusieurs TéraBytes, très large mémoire de stockage !  $\rightarrow$  Approximation circulante avec L = 10

### Paramètres de l'algorithme

- $\sigma$  : estimé à partir du signal mesuré
- nombre d'itérations : 2000
Spectrométrie de masse

## Résultats expérimentaux



Spectre FT-ICR du peptide sur l'axe de masse [1890, 1930]

Spectrométrie de masse

Conclusion

## Résultats expérimentaux



#### Analyse du spectre FT-ICR du peptide (8 s avec un Mac Pro Intel Xeon)

- Masse monoisotopique théorique du trimère : m = 9526.337 Daltons.
- Masse monoisotopique théorique de l'ajout du Sodium : m = +21.982 Daltons.
- Masse monoisotopique théorique de l'Hydrogène : m = +1,007 Daltons.

# **Publication 3**

Afef Cherni, Emilie Chouzenoux, Marc-André Delsuc, Fast dictionary based approach for mass spectrometry data analysis, In Proceedings of the 43th IEEE ICASSP 2018, ppx-x+5, Calgary-Alberta-Canada, April 2018.

► Nouvelle approche par dictionnaire qui reconstruit les pics monoisotopiques à partir d'un spectre MS.

► Nouvelle approximation du dictionnaire pour réduire la mémoire de stockage et le temps de calcul.

Spectrométrie de masse

# Observation



× Sous estimation d'amplitude liée à l'utilisation de  $\ell_1$ ~ Ratio de normes  $\ell_1/\ell_2$  [Repetti et al., 2015].

#### Nouvelle proposition

Fonction de régularité  $\ell_p/\ell_q$  plus générale dédiée à la restauration des signaux parcimonieux.

Spectrométrie de masse

## Nouvelle pénalité

## Même formulation

#### Nouvelle régularisation

$$(\forall \mathbf{x} \in \mathbb{R}^N) \quad \Psi(\mathbf{x}) = \frac{\ell_p(\mathbf{x})}{\ell_q(\mathbf{x})}$$
 (7)

avec :

$$(\forall p \in ]0, 2]) \quad \ell_p(\mathbf{x}) = \left(\sum_{n=1}^N |x_n|^p\right)^{1/p}$$
(8)  
$$(\forall q \in [2, +\infty[) \quad \ell_q(\mathbf{x}) = \left(\sum_{n=1}^N |x_n|^q\right)^{1/q}$$
(9)

41/48

Spectrométrie de masse

## Nouvelle pénalité

## Même formulation

#### Nouvelle régularisation

$$(\forall \mathbf{x} \in \mathbb{R}^N) \quad \Psi(\mathbf{x}) = \frac{\ell_{p,\alpha}(\mathbf{x})}{\ell_{q,\eta}(\mathbf{x})}$$
 (7)

tel que :

$$(\forall p \in ]0,2]) \quad \ell_{p,\alpha}(\mathbf{x}) = \left(\sum_{n=1}^{N} \left( (x_n^2 + \alpha^2)^{p/2} - \alpha^p \right) \right)^{1/p}$$
(8)  
$$(\forall q \in [2,+\infty[) \quad \ell_{q,\eta}(\mathbf{x}) = \left(\sum_{n=1}^{N} |x_n|^q + \eta^q \right)^{1/q}$$
(9)

41/48

Spectrométrie de masse

## Nouvelle pénalité

## Même formulation

$$\underset{\mathbf{x} \in \mathbb{R}^{N}_{+}}{\text{minimiser}} \quad \Psi(\mathbf{x}) \quad \text{tel que } \|\mathbf{D}\mathbf{x} - \mathbf{y}\| \leq \eta$$
 (6)

#### Nouvelle régularisation

$$(\forall \mathbf{x} \in \mathbb{R}^N) \quad \Psi(\mathbf{x}) = \log\left(\frac{\ell_{p,\alpha}(\mathbf{x})}{\ell_{q,\eta}(\mathbf{x})}\right)$$
 (7)

tel que :

$$(\forall p \in ]0,2]) \quad \ell_{p,\alpha}(\mathbf{x}) = \left(\sum_{n=1}^{N} \left( (x_n^2 + \alpha^2)^{p/2} - \alpha^p \right) \right)^{1/p}$$
(8)  
$$(\forall q \in [2,+\infty[) \quad \ell_{q,\eta}(\mathbf{x}) = \left(\sum_{n=1}^{N} |x_n|^q + \eta^q \right)^{1/q}$$
(9)

41/48

- 1

Spectrométrie de masse

## Nouvelle pénalité

## Même formulation

$$\underset{\mathbf{x} \in \mathbb{R}^{N}_{+}}{\text{minimiser}} \quad \Psi(\mathbf{x}) \quad \text{tel que } \|\mathbf{D}\mathbf{x} - \mathbf{y}\| \leq \eta$$
 (6)

#### Nouvelle régularisation

$$(\forall \mathbf{x} \in \mathbb{R}^{N}) \quad \Psi(\mathbf{x}) = \log\left(\frac{\left(\ell_{p,\alpha}^{p}(\mathbf{x}) + \beta^{p}\right)^{1/p}}{\ell_{q,\eta}(\mathbf{x})}\right)$$
(7)

Smoothed *p*-Over-*q* norm (SPOQ)

$$(\forall p \in ]0,2]) \quad \ell_{p,\alpha}(\mathbf{x}) = \left(\sum_{n=1}^{N} \left( (x_n^2 + \alpha^2)^{p/2} - \alpha^p \right) \right)^{1/p}$$
(8)  
$$(\forall q \in [2,+\infty[) \quad \ell_{q,\eta}(\mathbf{x}) = \left(\sum_{n=1}^{N} |x_n|^q + \eta^q \right)^{1/q}$$
(9)  
$$(1)$$

# Implémentation

#### Principes

- Algorithme Forward-Backward à métrique variable.
- $\blacktriangleright$  Ajustement local de la métrique, basé sur la stratégie de majoration-minimisation de  $\Psi$  dans une région de confiance.
- Garanties de convergence

• Signal B : M = 1000 Z = 3 P = 100 protéines axe de masse = [1000, 1050]



Spectrométrie de masse

# Résultats synthétiques

• Résultat de reconstruction du signal B avec la pénalité :  $\ell_1$  en "  $\times$ ",  $\ell_1/\ell_2$  en " +",  $\ell_{1/4}/\ell_2$  en "  $\star$ " et  $\ell_{3/4}/\ell_3$  en "  $\bullet$ ". Le signal original est en " – –"



# Publication (en cours de finalisation)

Afef Cherni, Emilie Chouzenoux, Laurent Duval, Marc-André Delsuc, Jean-Christophe Pesquet, SPOQ : Smoothed *p*-Over- $q \ell_p/\ell_q$  norm ratio Regularization for Sparse Signal reconstruction.

▶ Nouvelle régularisation SPOQ fondée sur une approximation lisse de  $\ell_p/\ell_q$ .

 Nouvel algorithme à métrique variable localement ajustée basé sur l'algorithme FB.

 $\blacktriangleright$  Qualité de reconstruction des signaux parcimonieux en MS bien meilleure que le critère  $\ell_1.$ 

X Complexité de calcul.

# Conclusion 2

 $\checkmark$  Nouvelle approche par dictionnaire pour restaurer les signaux MS avec le critère  $\ell_1.$ 

 $\checkmark$  Nouvelle approximation du dictionnaire qui réduit la complexité de calcul et les sources de stockage.

✓ Analyse des données MS de grande dimension [Cherni et al., 2018].

✓ Nouvelle approche SPOQ qui assure l'estimation précise des signaux parcimonieux [*Article en cours*].

Spectrométrie de masse

# Conclusion générale (1/2)

- RMN DOSY
  - ✓ Nouvelle approche de régularisation hybride
  - ✓ Algorithme PALMA + Serveur web

# Conclusion générale (1/2)

- RMN DOSY
  - ✓ Nouvelle approche de régularisation hybride
  - ✓ Algorithme PALMA + Serveur web
  - $\sim$  2 publications, et un serveur web

Spectrométrie de masse

- ✓ Nouvelle approche par dictionnaire
- ✓ Nouvelle approximation circulante
- $\rightsquigarrow$  1 publication
- ✓ Nouvelle approche SPOQ
- $\sim$  1 publication en cours de finalisation.

# Conclusion générale (2/2)

#### Autres contributions :

 $\checkmark$  Nouvel opérateur proximal pour la régression logistique parcimonieuse

 $\sim$  1 publication.

 $\checkmark$  Nouvel algorithme proximal alterné pour l'analyse spectrale des signaux sous échantillonnés

 $\rightsquigarrow$  1 publication en cours de finalisation.

Spectrométrie de masse

## Perspectives

- RMN DOSY
  - Optimisation non convexe  $(\ell_0)$
  - Déconvolution aveugle (nouvelle version de PALMA)

## Perspectives

## RMN DOSY

- Optimisation non convexe  $(\ell_0)$
- Déconvolution aveugle (nouvelle version de PALMA)

#### Spectrométrie de masse

- Mieux adapter l'approche par dictionnaire au cas réel
- Estimer le modèle de convolution à partir des mesures
- Apprentissage par réseau de neurones des données MS
- Chercher le bon choix théorique de (p,q) pour l'approche SPOQ

## Publications I

#### Articles acceptés

 Afef Cherni, Emilie Chouzenoux, Marc-André Delsuc, Fast dictionary based approach for mass spectrometry data analysis, In Proceedings of the 43th IEEE International Conference on Acoustics, Speech, and Signal Processing (ICASSP 2018), ppx-x+5, Calgary-Alberta-Canada, 14-20 april 2018.

• Giovanni Chierchia, Afef Cherni, Emilie Chouzenoux, and Jean- Christophe Pesquet, Approche de Douglas-Rachford aléatoire par blocs. Application à la régression logistique parcimonieuse, In Actes du 26e colloque GRETSI (GRETSI 2017), Juan-les-Pins, 5-8 september 2017

• Afef Cherni, Emilie Chouzenoux, Marc-André Delsuc, Improved algorithm for DOSY signal processing, Analyst, Vol. 142, No. 5, pages 772-779, 2016.

 Afef Cherni, Emilie Chouzenoux, Marc-André Delsuc, Proximity for a class of hybrid sparsity + entopy prior. Application to DOSY NMR signal reconstruction, In Proceedings of the International Symposium on Signal, Image, Video and Communications (ISIVC 2016), Tunis-Tunisia, 21-23 november 2016.

#### Articles en cours de préparation

• Afef Cherni, Emilie Chouzenoux, Laurent Duval, Jean-Christophe Pesquet, SPOQ : Smoothed *p*-Over- $q \ell_p/\ell_q$  norm ratio Regularization for Sparse Signal reconstruction.

• Lionel Chiron, Afef Cherni, Jean-Philippe Starck, Christian Rolando, Emilie Chouzenoux, Marc-André Delsuc, Fast and robust analysis of non uniformly sampled 2D-FT-ICR-MS datasets.

Logiciel diffusé :

• PALMA : Plateforme en Python, basée sur l'algorithme proximal PALMA, proposée pour l'analyse des données expérimentales réelles DOSY. Juin 2016. License Cecill-B <code>http://palma.labo.igbmc.fr/</code>

Spectrométrie de masse

## Remerciement

- Marc-André Delsuc, Émilie Chouzenoux
- Christian Rolando, Bruno Kieffer
- Jean-Christophe Pesquet, Laurent Duval, Giovanni Chierchia
- Équipe RMN de l'IGBMC, Strasbourg
- Équipe Signal et Communications de LIGM, Paris



Spectrométrie de masse

## Remerciement

- Marc-André Delsuc, Émilie Chouzenoux
- Christian Rolando, Bruno Kieffer
- Jean-Christophe Pesquet, Laurent Duval, Giovanni Chierchia
- Équipe RMN de l'IGBMC, Strasbourg
- Équipe Signal et Communications de LIGM, Paris



• Merci pour votre attention •

Spectrométrie de masse

Conclusion

Méthodes modernes d'analyse de données en biophysique analytique : Résolution des problèmes inverses en RMN DOSY et MS

> Afef Cherni Directeur de thèse : Marc-André Delsuc Co-encadrante : Émilie Chouzenoux

Strasbourg, le 20 septembre 2018







