

Nucléoles

Analyse du problème de la détection
et étude du nucléole dans le noyau
des lymphocytes.

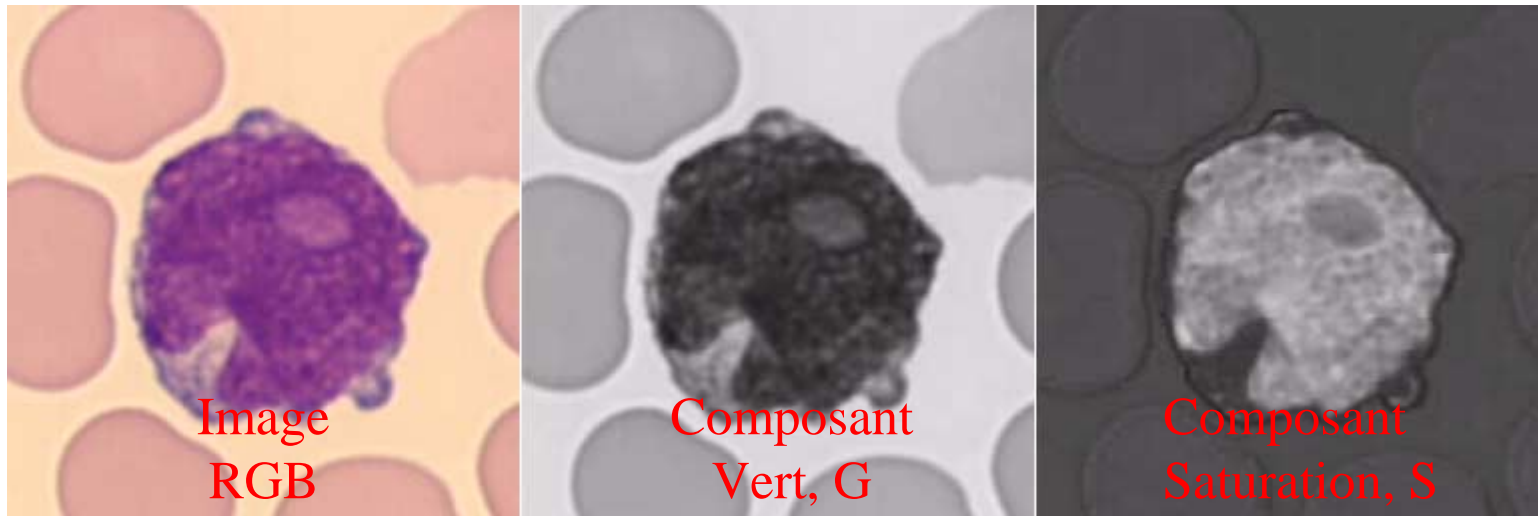


Jesús ANGULO, Jean SERRA

Fontainebleau, Mai 2000

Présentation du problème avec
quelques exemples.

Nucléole: Qu'est-ce que c'est que ça?

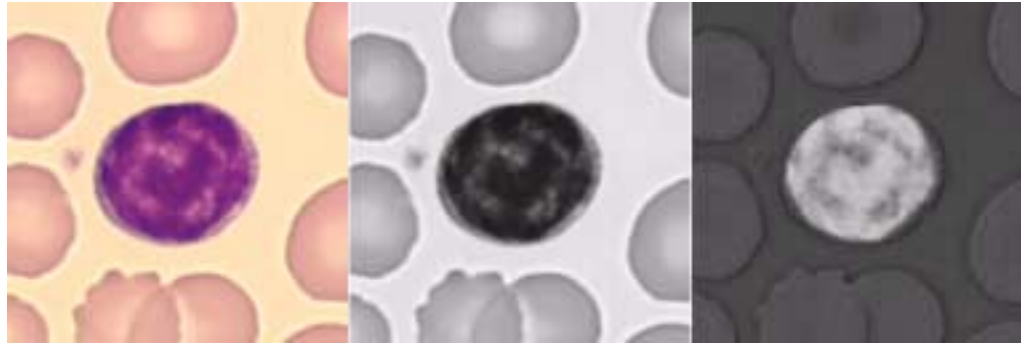


Des notre point de vue: C'est une région quasi-circulaire dans le noyau, laquelle est caractérisé par:

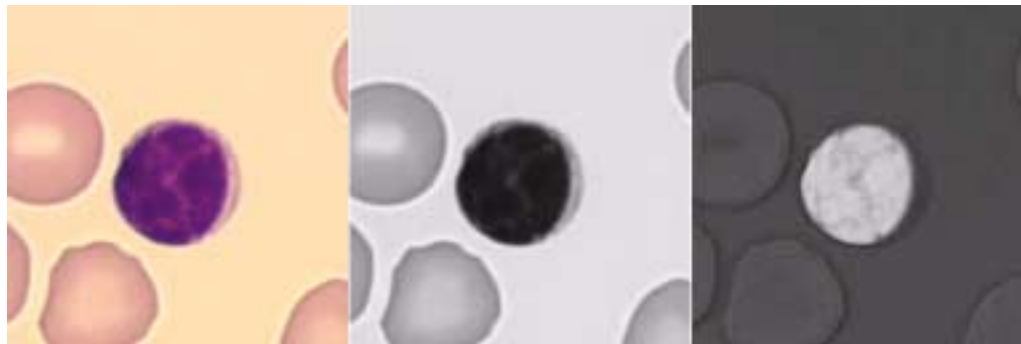
- Région plus «claire» que le reste du noyau. Pour analyser ça, on peut utiliser la Composant Vert (o la Luminance).
- La région du nucléole est moins saturée. Image intéressante pour cette caractéristique => Composant Saturation.

Nucléoles absents

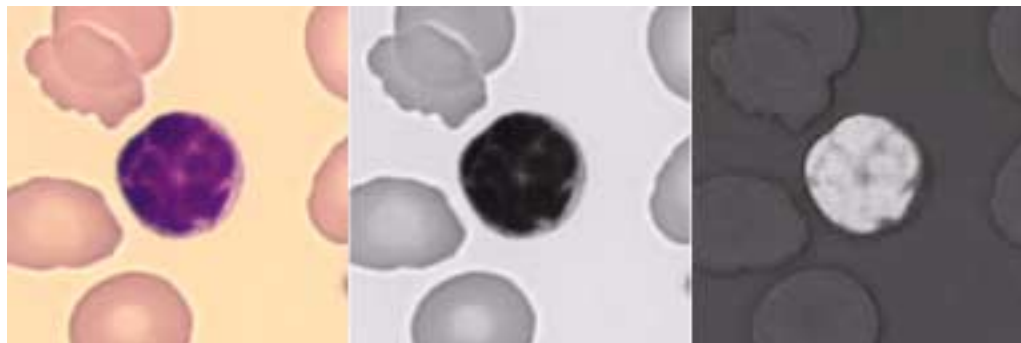
24/23615



24/23617

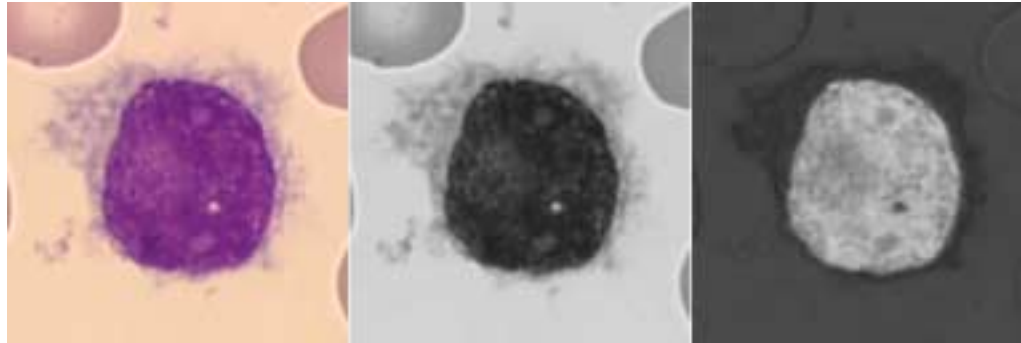


24/23619

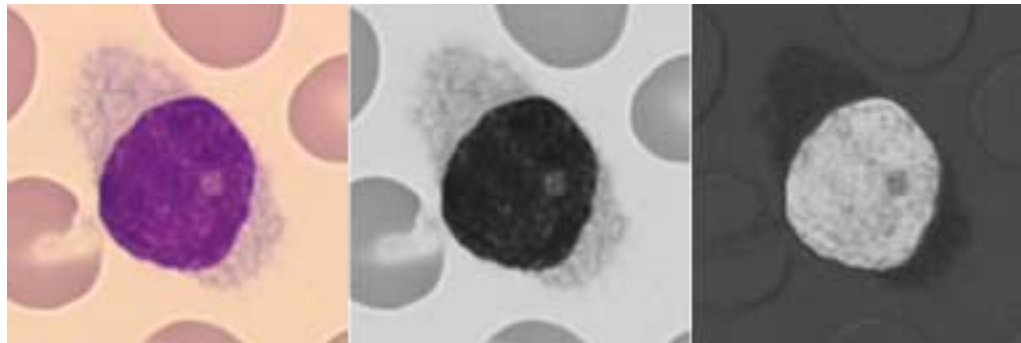


Nucléoles petits +

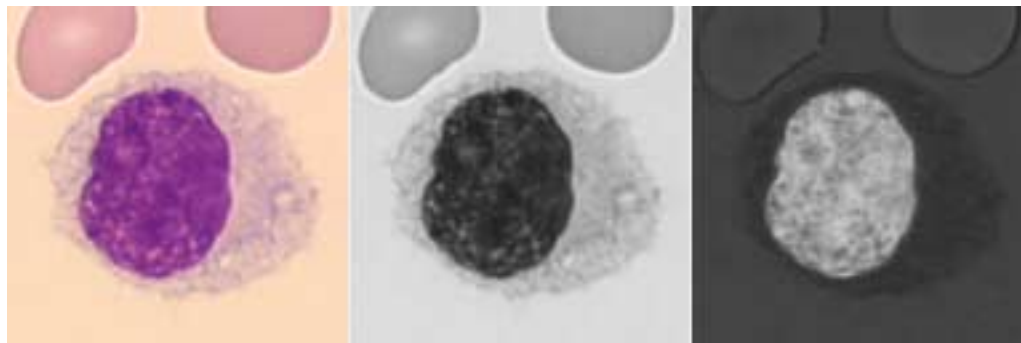
25/24443



25/24445

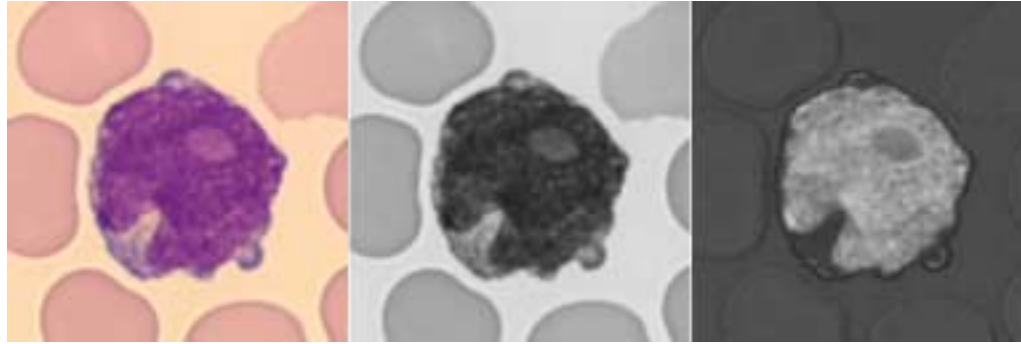


25/24451

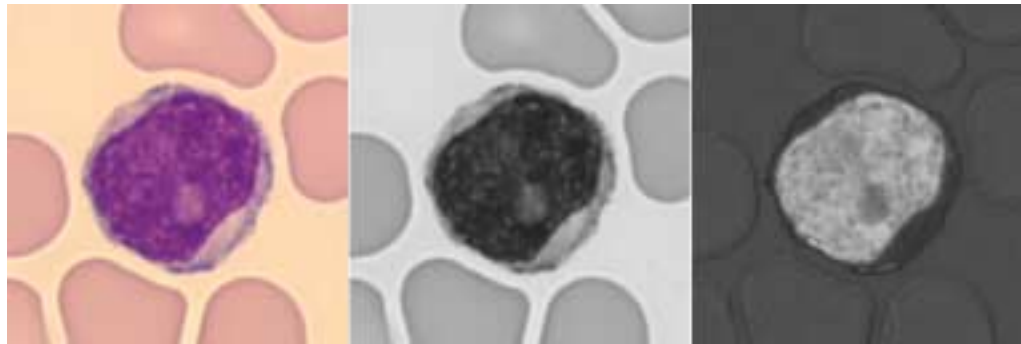


Nucléoles ++

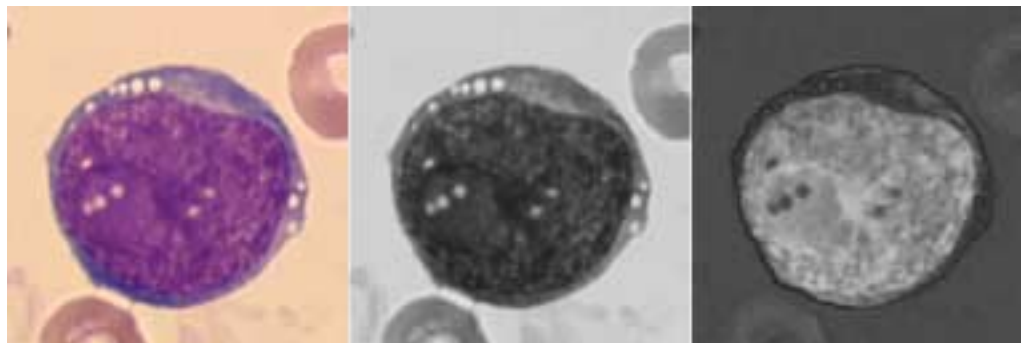
26/23399



26/23402



26/23413



Première approximation:
Granulométries.

Granulométrie: Définition (1)

- La granulométrie est l'étude de la taille des objets.
- Or, les grains refusés par le tamis de taille λ , qui sont une partie de la population initiale, sont refusés aussi par tout nouveau tamisage de taille $\mu \leq \lambda$.
- Méthode de Morphologie Mathématique: Ouvertures ou fermetures par des familles d'éléments structurants qui dépendent d'un paramètre positif, la taille:

• $\lambda=5$

• $\lambda=10$

• $\lambda=15$

• $\lambda=20$

Granulométrie: Définition (2)

- Une granulométrie se calcule à l'aide d'une pyramide de filtres dont chaque élément (ouverture ou fermeture) agit selon une taille donnée λ .
- A la sorti de chaque filtre λ on mesure l'aire (ensembles) ou l'intégrale (fonctions), soit M_λ . La quantité:

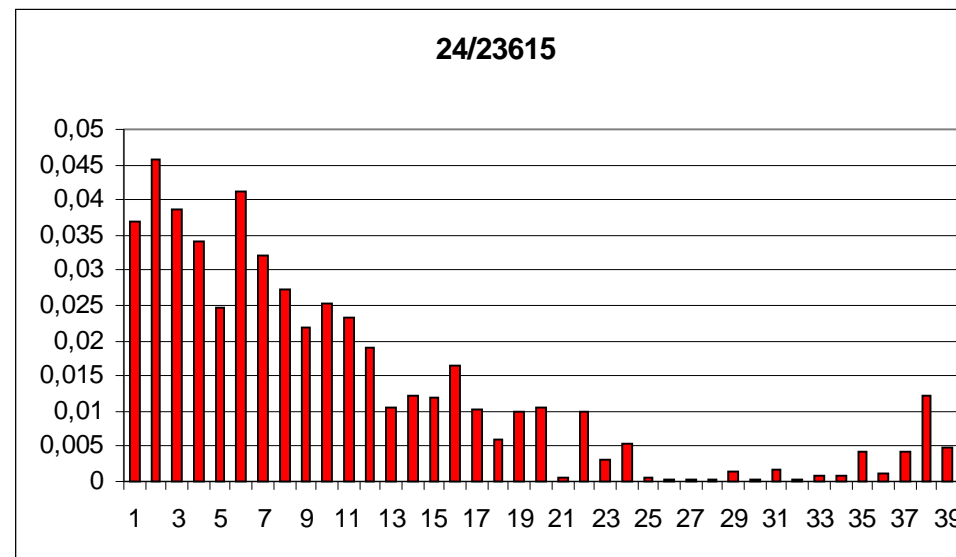
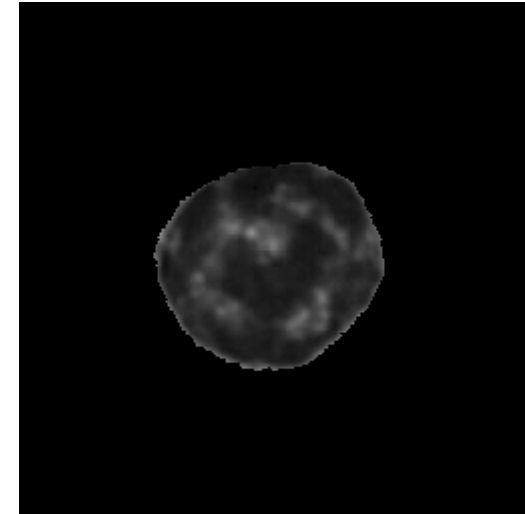
$$F_\lambda = 1 - \frac{M_\lambda}{M_0}$$

est une **fonction de distribution**.

- On utilise souvent aussi le **spectre granulométrique** qui est la dérivée de la fonction de distribution granulométrique.

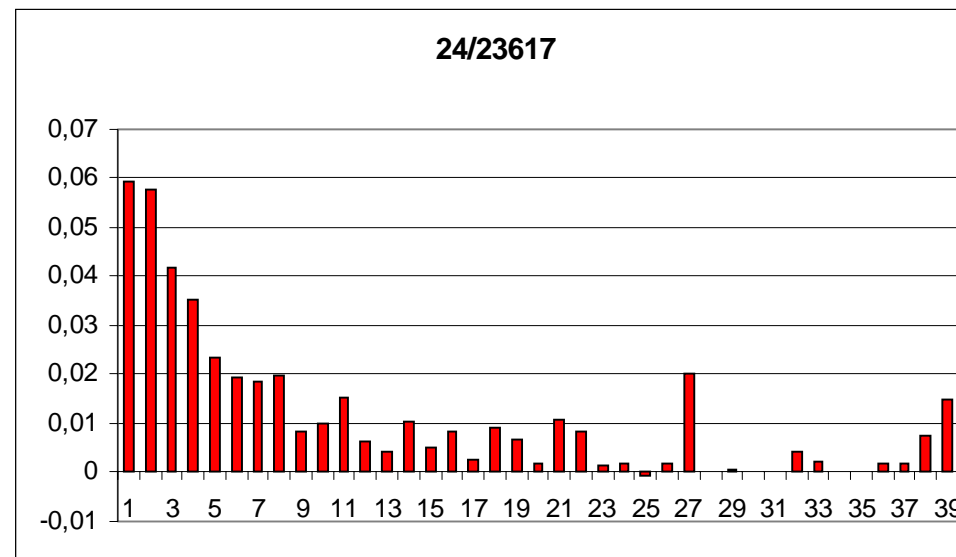
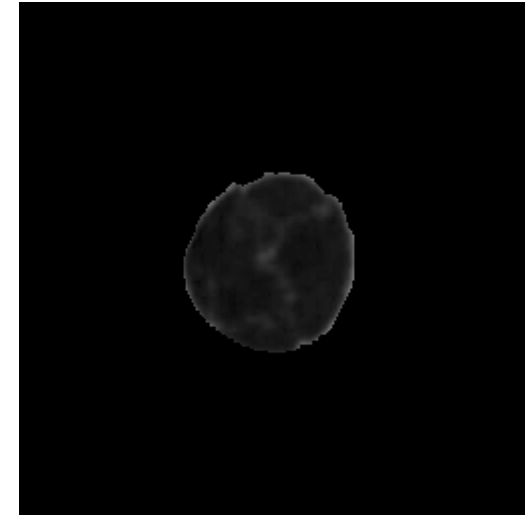
Granulométrie: Nucléoles absents (1)

24/23615



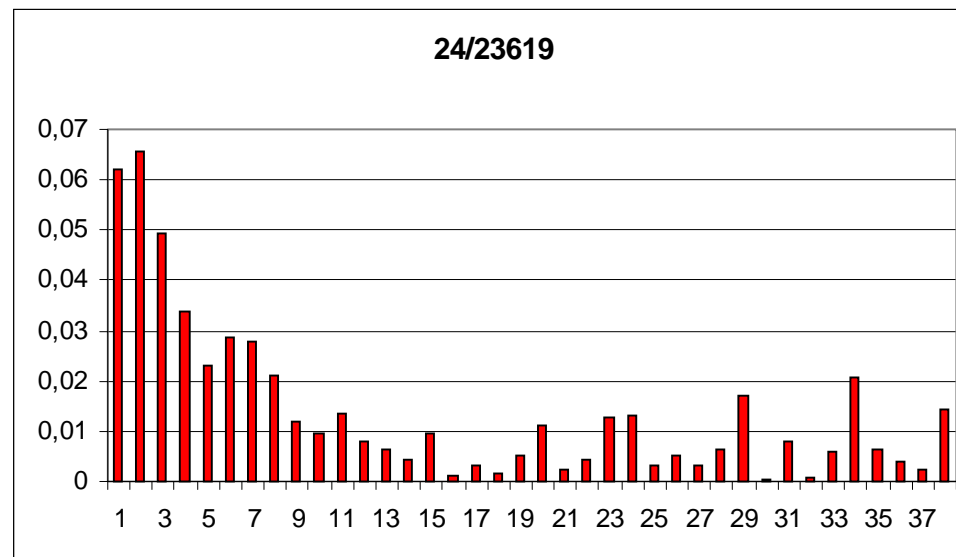
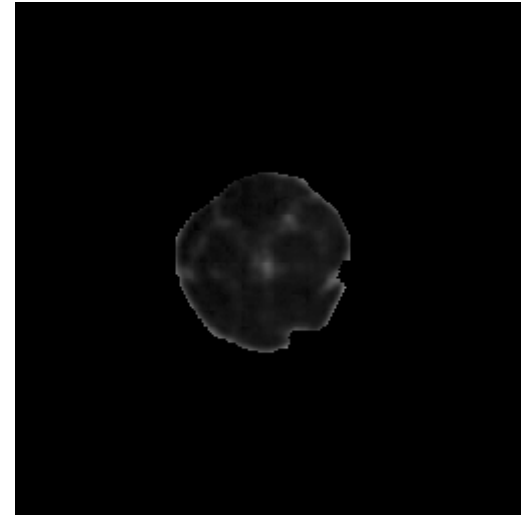
Granulométrie: Nucléoles absents (2)

24/23617

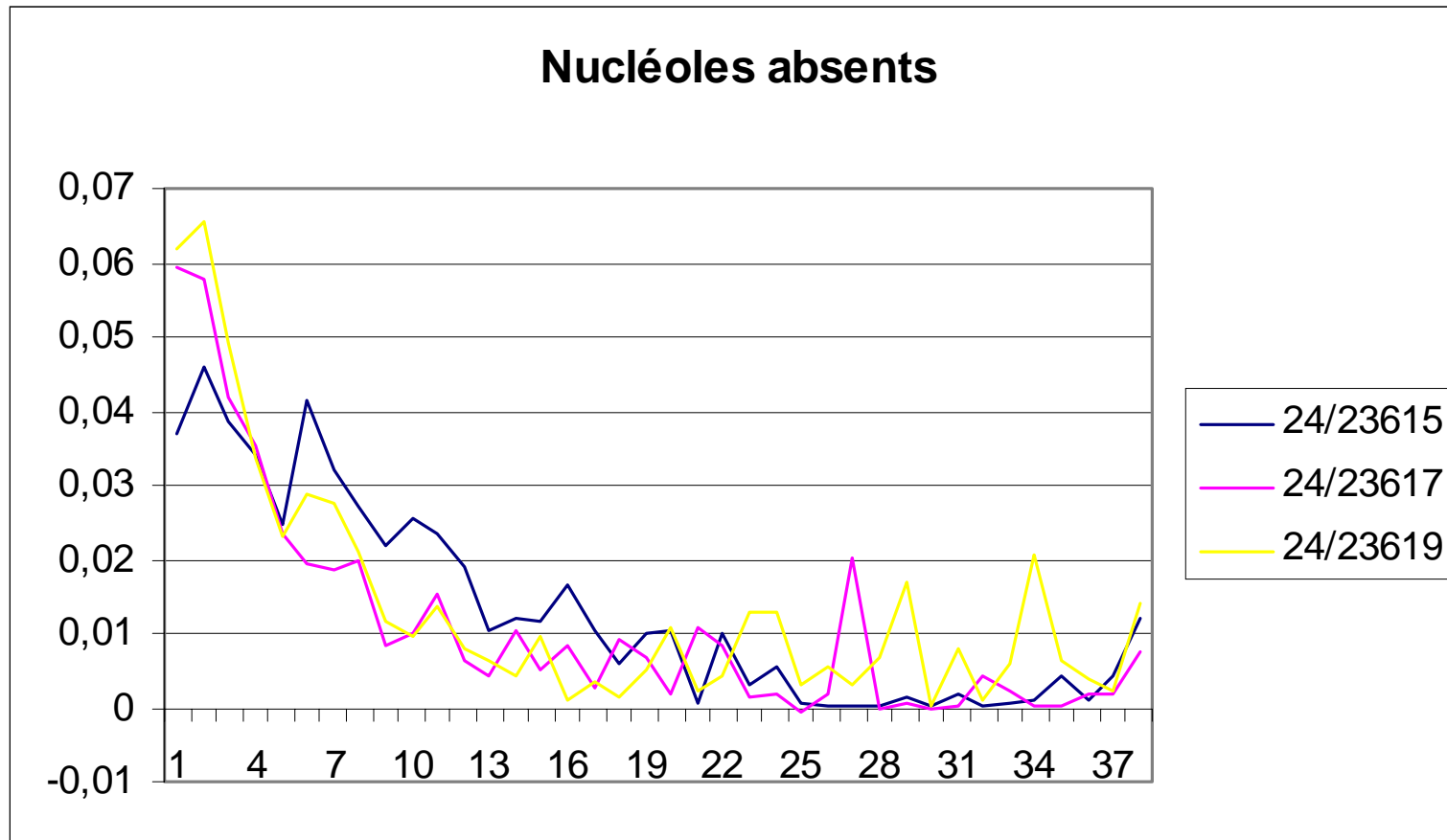


Granulométrie: Nucléoles absents (3)

24/23619

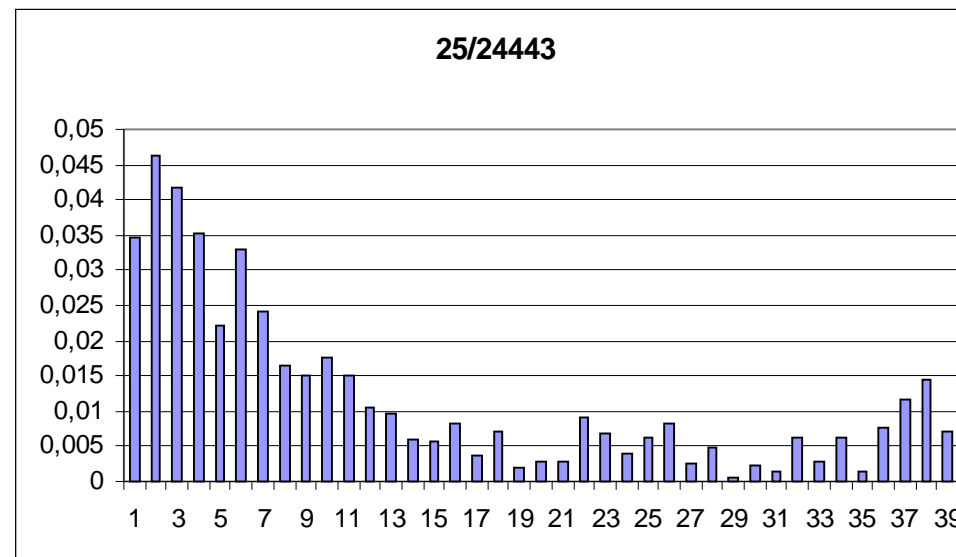
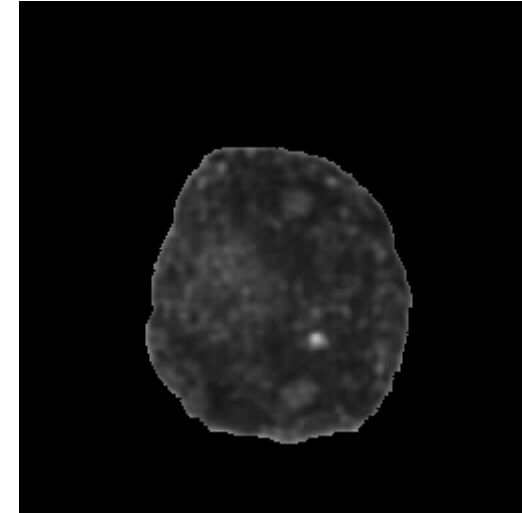
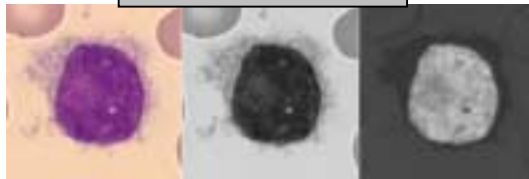


Granulométrie: Nucléoles absents (4)



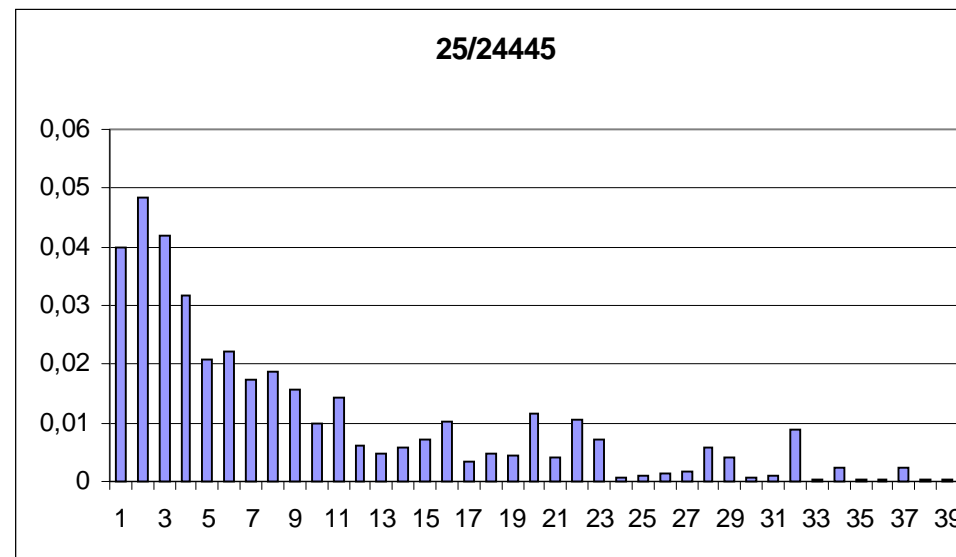
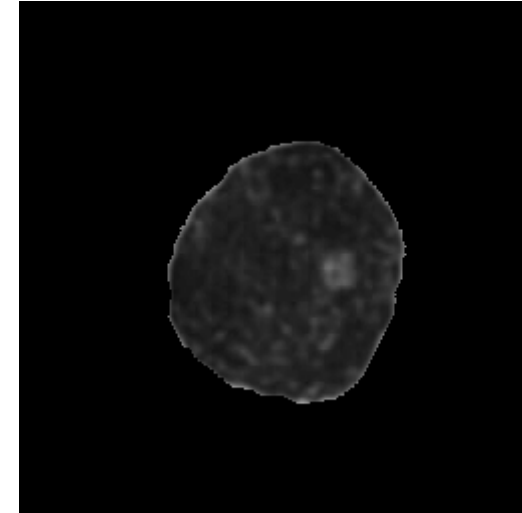
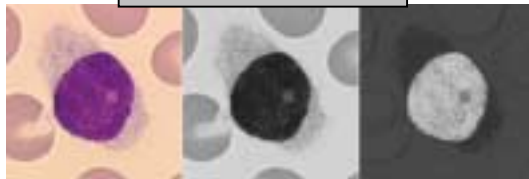
Granulométrie: Nucléoles petits + (1)

25/24443



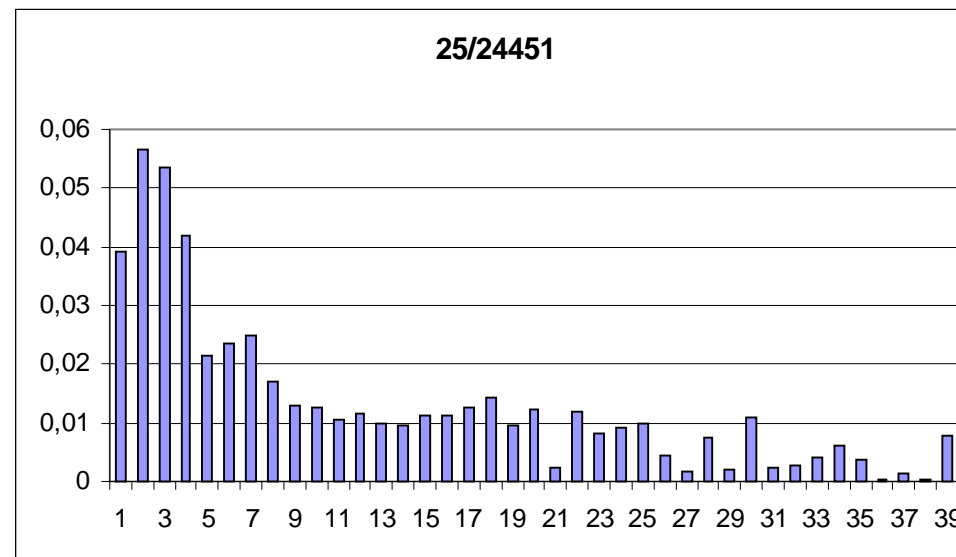
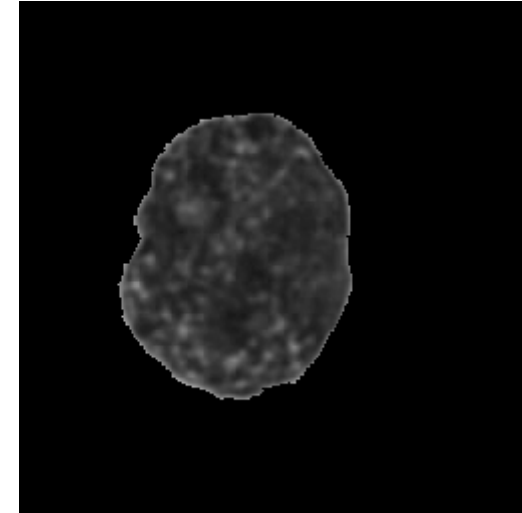
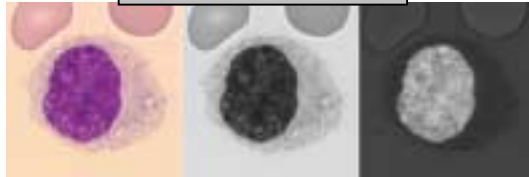
Granulométrie: Nucléoles petits + (2)

25/24445

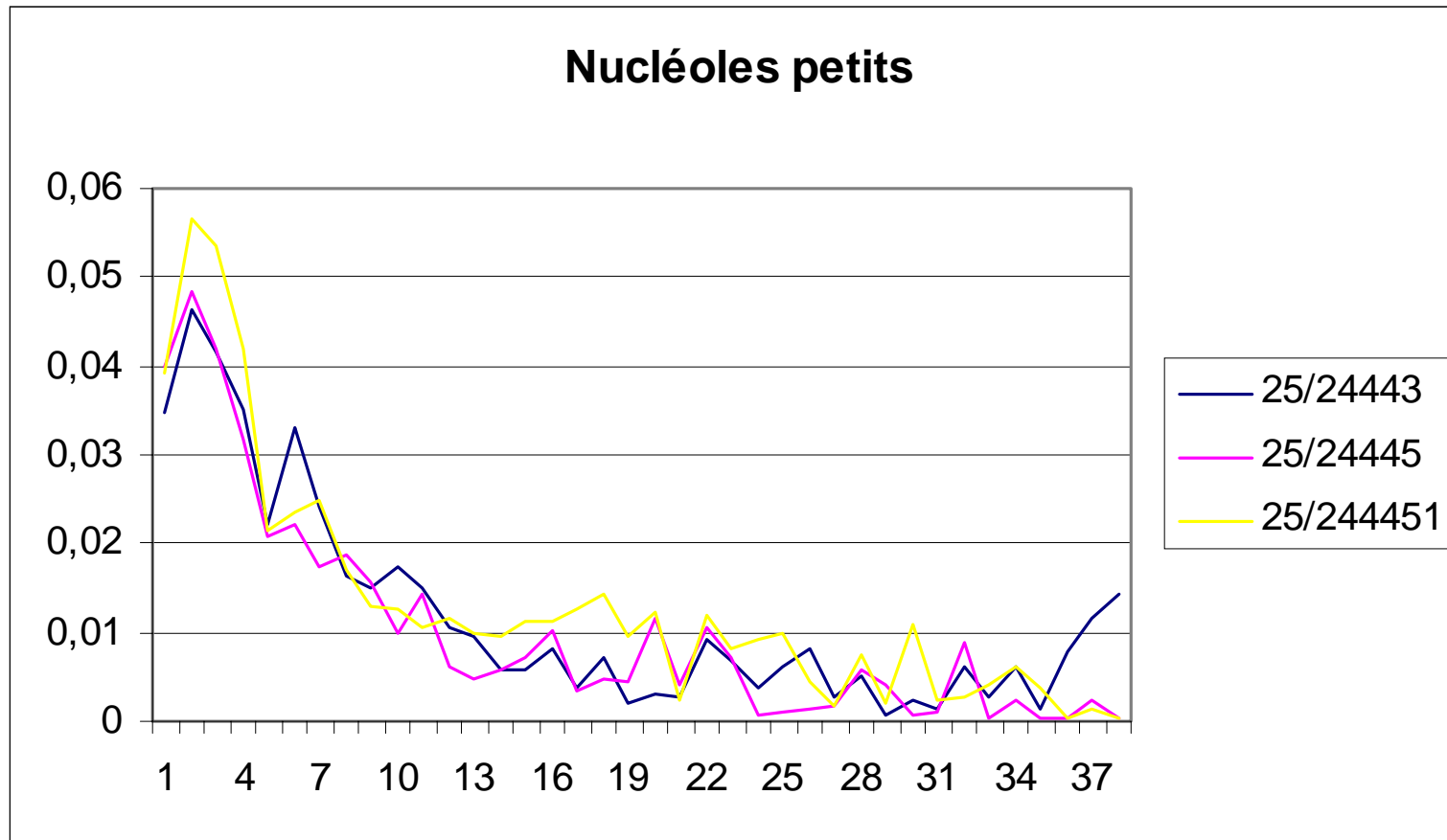


Granulométrie: Nucléoles petits + (3)

25/24451

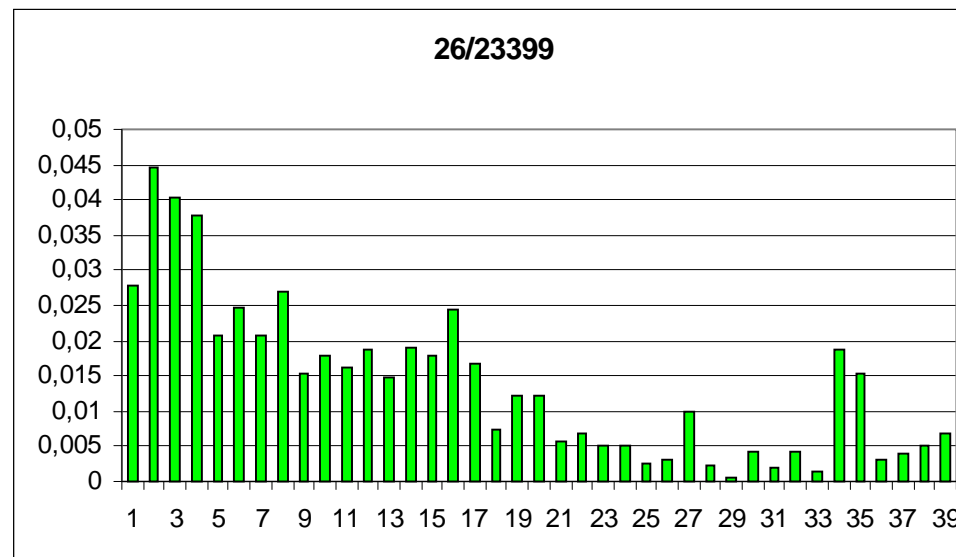
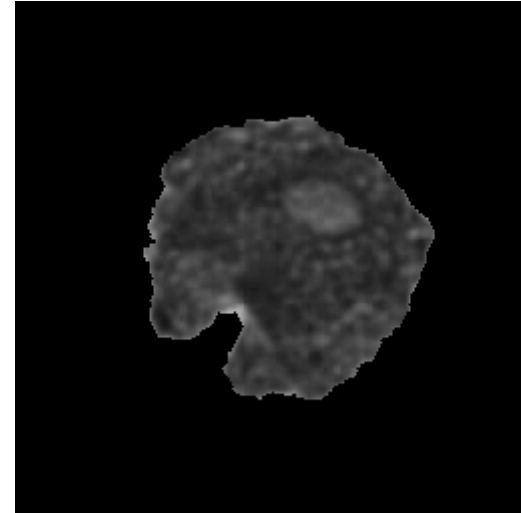
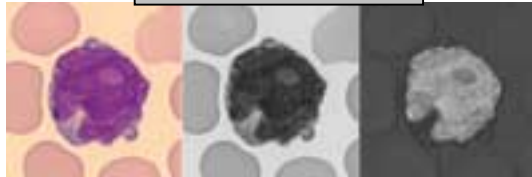


Granulométrie: Nucléoles petits + (4)



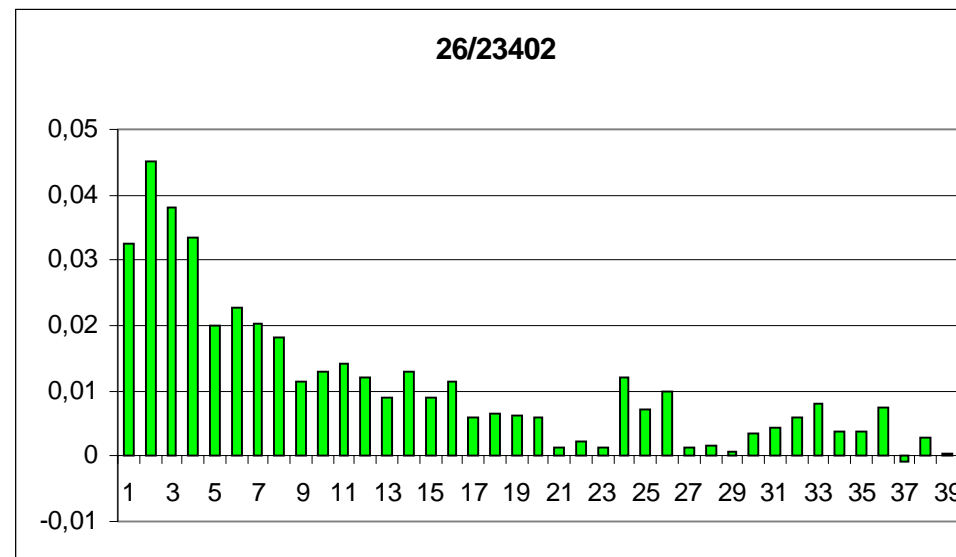
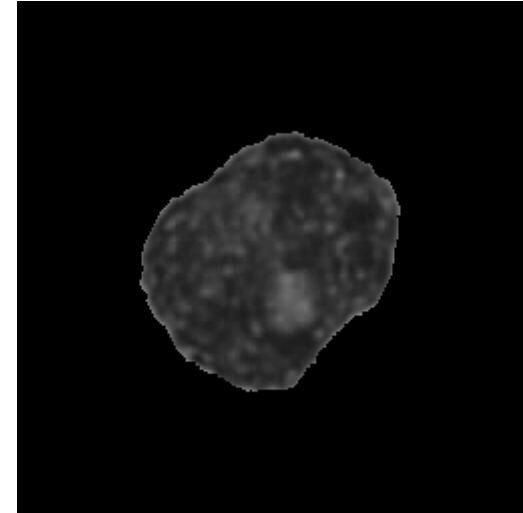
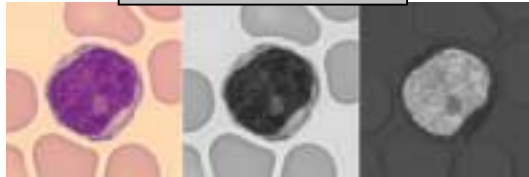
Granulométrie: Nucléoles ++ (1)

26/23399



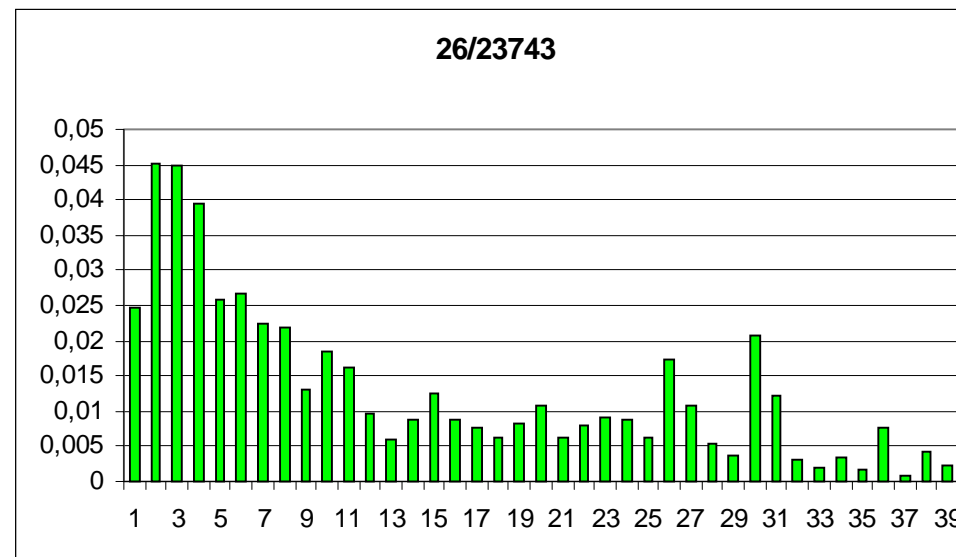
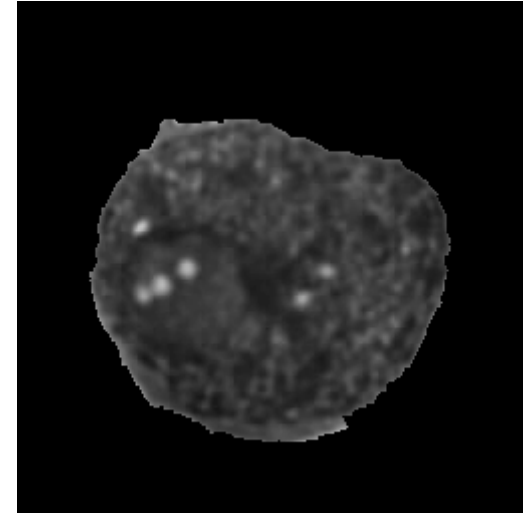
Granulométrie: Nucléoles ++ (2)

26/23402

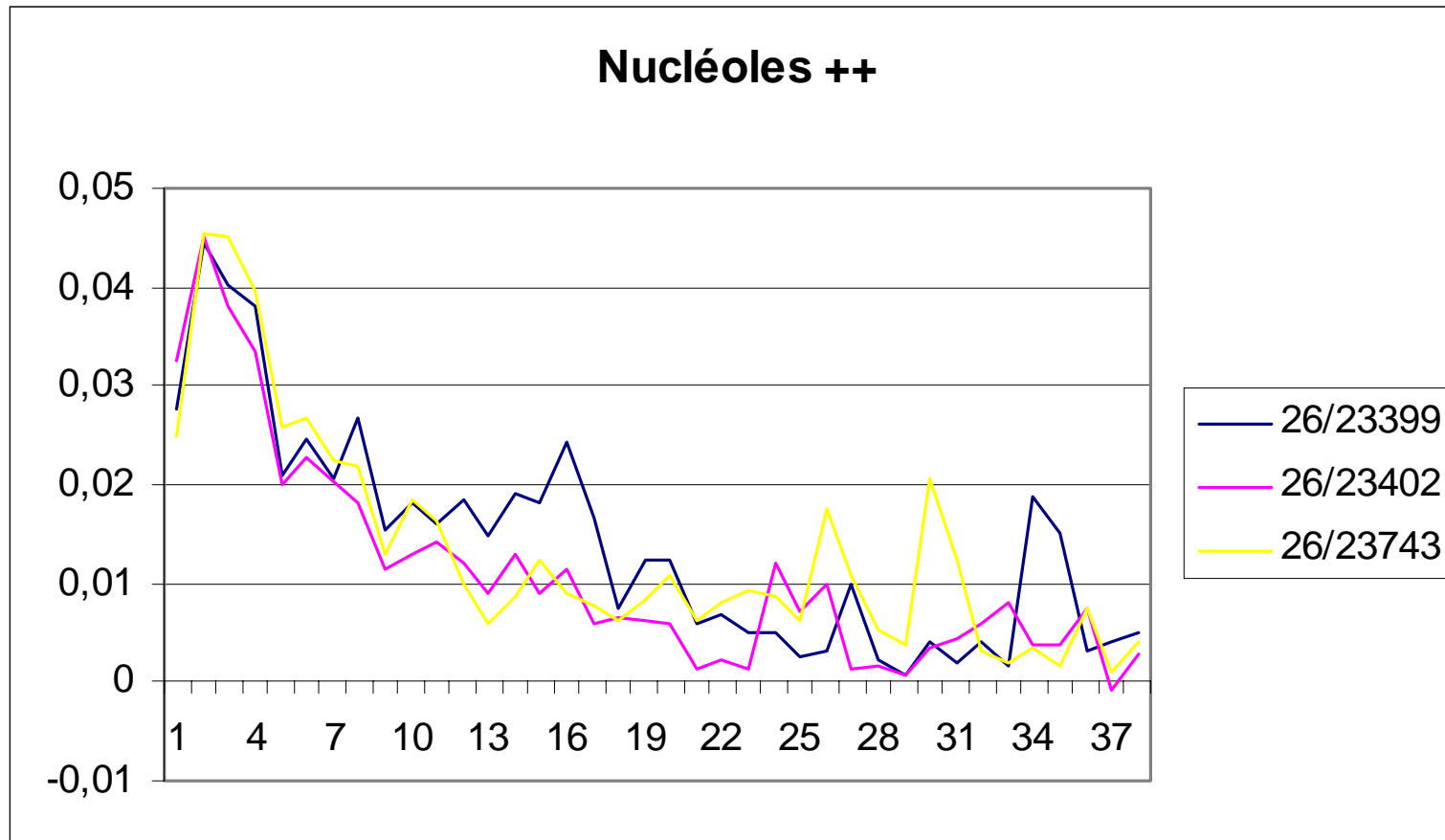


Granulométrie: Nucléoles ++ (3)

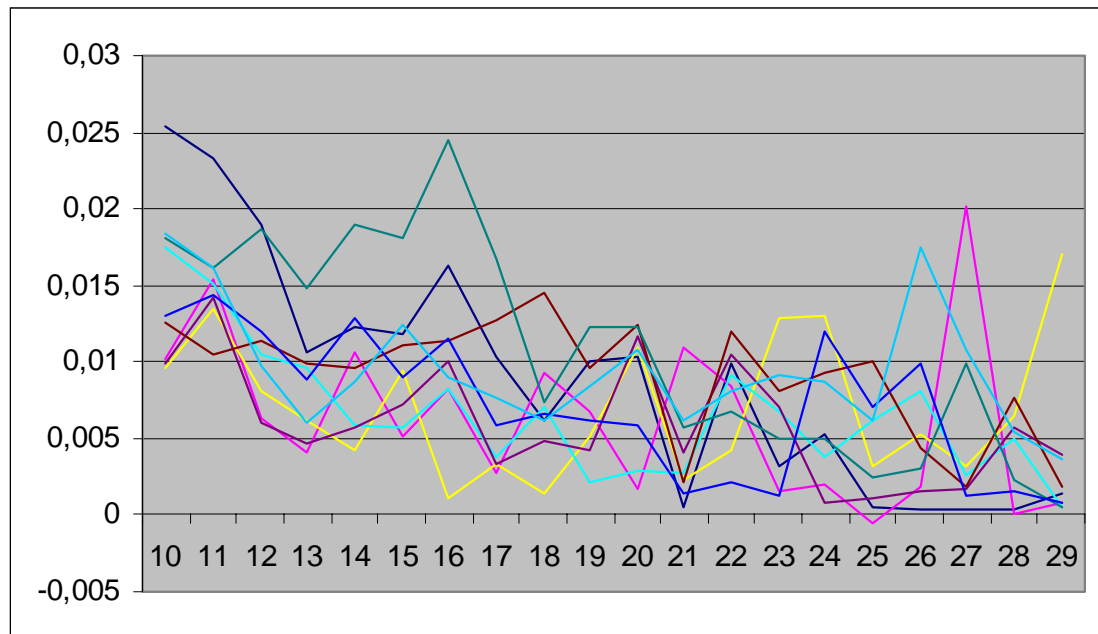
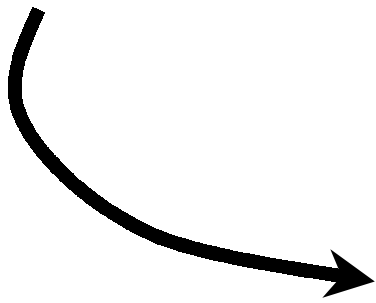
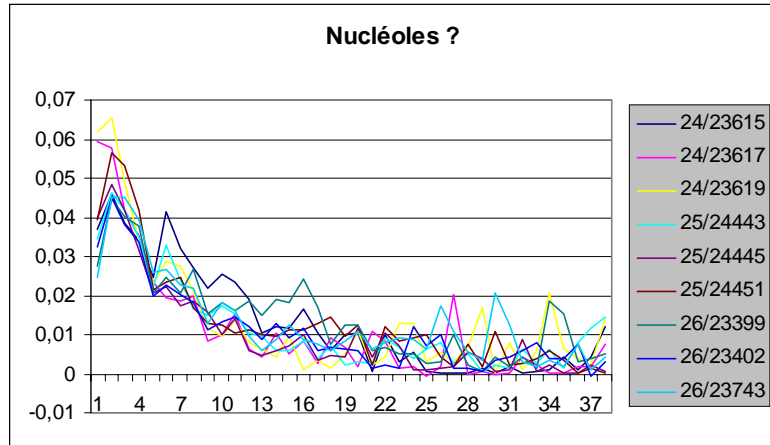
26/23743



Granulométrie: Nucléoles ++ (4)



Granulométrie: Comparative

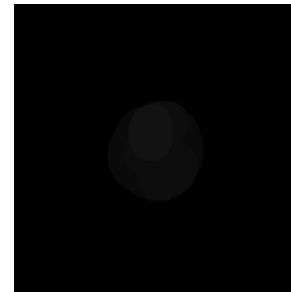
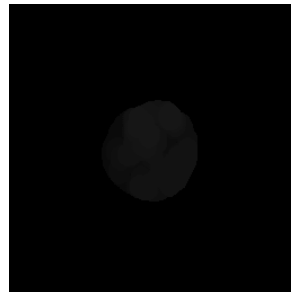
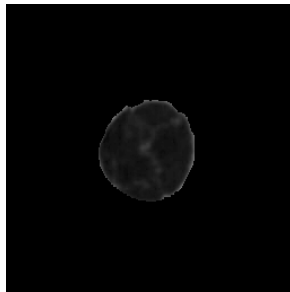


Granulométrie: Quelques tailles d'ouverture intéressantes

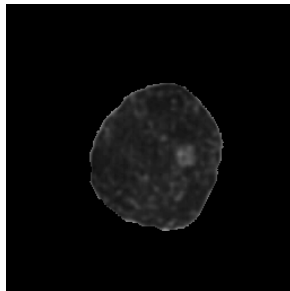
Noyau (G)

Ouverture Isotrope 10

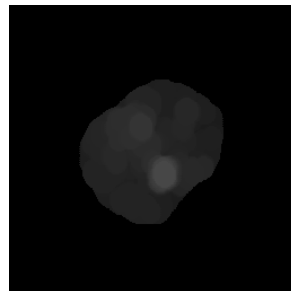
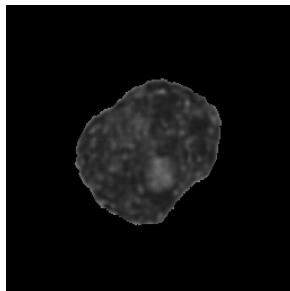
Ouverture Isotrope 20



24/23617



25/24445



26/23402

Granulométrie: Intégrer l'intervalle intéressant du spectre

	24/23615	24/23617	24/23619	25/24443	25/24445	25/24451	26/23399	26/23402	26/23743
$\int [5,10]$	0,147731	0,07625	0,098527	0,105989	0,083654	0,090773	0,105534	0,08538	0,102529
$\int [10,15]$	0,090506	0,046619	0,041664	0,058597	0,040501	0,053968	0,086541	0,061123	0,059094
$\int [10,20]$	0,145135	0,078702	0,062069	0,0854	0,070259	0,113297	0,165419	0,100261	0,102666
$\int [10,30]$	0,17723	0,125519	0,140551	0,133395	0,118276	0,182995	0,218533	0,143467	0,189196

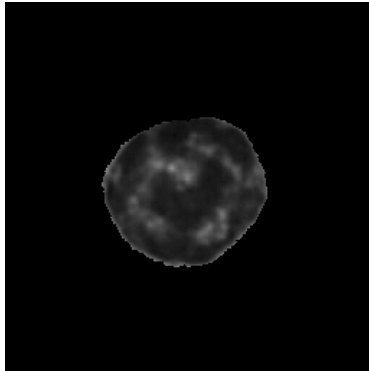
Conclusions sur les granulométries:

- C'est une outil intéressante pour étudier la densité de la chromatine, mais c'est difficile différencier le nucléole de la chromatine peu dense.
- La variété de possibles noyaux (chromatine fine, dense, peu dense, très dense, etc.) fait nécessaire un méthode plus robuste.

On y va plus loin, la nouvelle
Morphologie Mathématique:
Jump connection et Levelings.

Jump connection: Une façon de segmenter les «zones connectées»

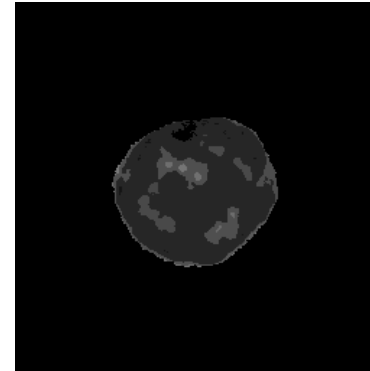
Noyau (G)



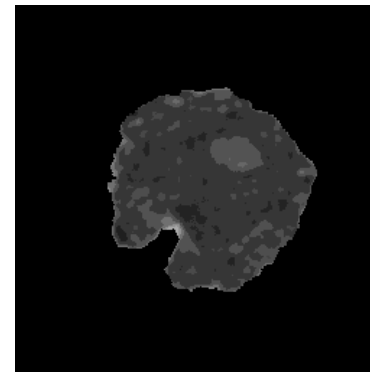
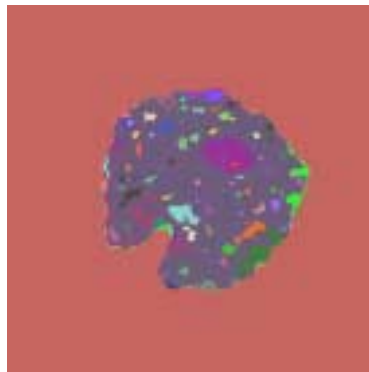
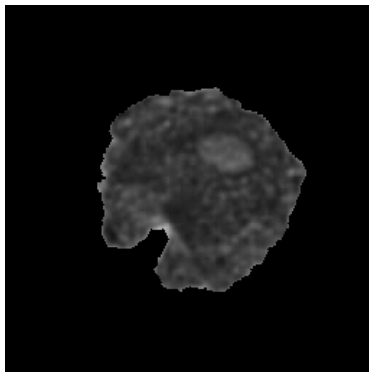
*Jump connection zones
h=15*



*Image avec le niveau
moyen de chaque région*



*Nombre de régions
N=85*

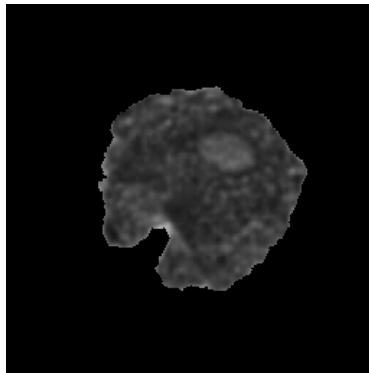


*Nombre de régions
N=179*

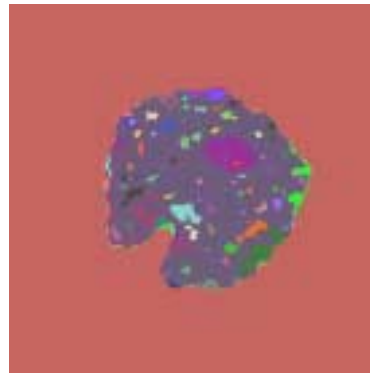
Jump connection: Simplifier l'image

Levelings

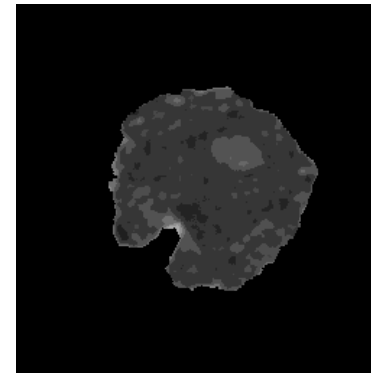
Noyau (G)



*Jump connection zones
h=15*



*Image avec le niveau
moyen de chaque région*

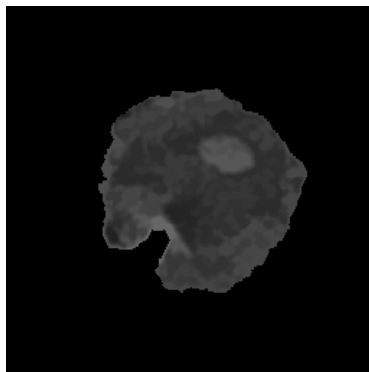


*Nombre de régions
N=179*

*Leveling avec
marqueur FAS
taille 7*



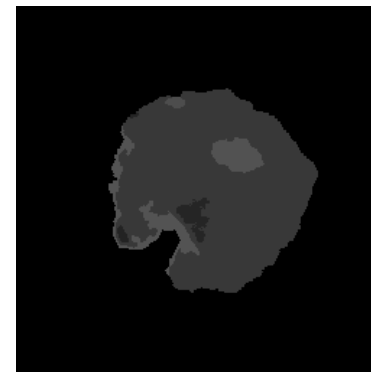
Noyau simplifié



*Jump connection zones
h=15*



*Image avec le niveau
moyen de chaque région*



*Nombre de régions
N=8*

Jump connection: Filtrer la région intéressante

Critères pour le filtrage:

- **Surface**: Région «claire» avec un nombre de pixels inférieur que S .
- **Circularité**: La région doit contenir un cercle de taille C .

Image avec le niveau moyen de chaque région

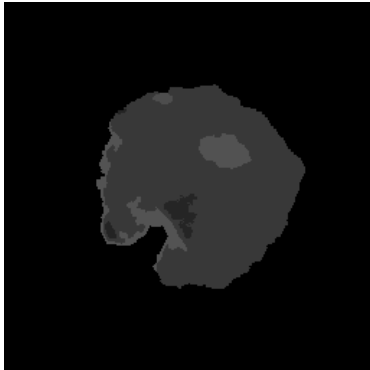


Image des régions avec une surface $< S=1000$ pixels



Image des régions qui contiendraient un cercle $C=10$ pixels



On peut dire que cette région est susceptible d'être le nucléole

Top-Hat sur une ouverture selon l'aire (taille 1000)

Reconstruction par marqueur. Le marqueur est une ouverture de taille 10

*Jump connection: Information redondante en utilisant les images G y S^**

Image résultat de la segmentation par Jump Connection de la Composant Vert

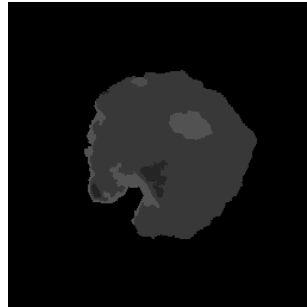
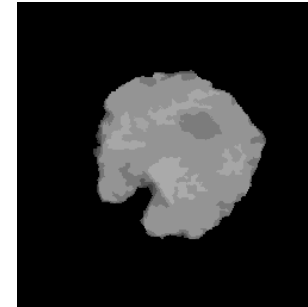


Image résultat de la segmentation par Jump Connection de la Composant Saturation



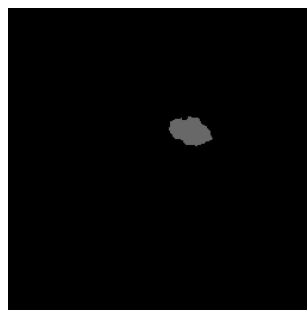
*Image des régions «claires» avec une surface $< S=1000$ pixels
Top-Hat sur une ouverture selon l'aire (taille 1000)*



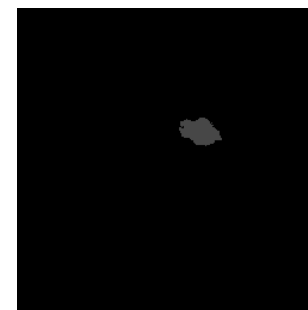
*Image des régions «obscurcs» avec une surface $< S=1000$ pixels
Top-Hat sur une fermeture selon l'aire (taille 1000)*



*Image des régions qui contiendraient un cercle $C=10$ pixels
Reconstruction par marqueur. Le marqueur est une ouverture de taille 10*

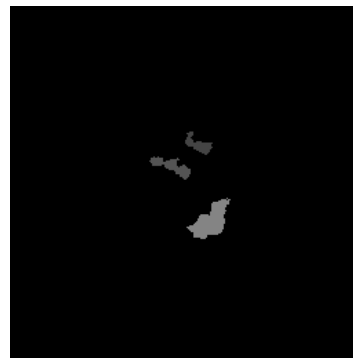
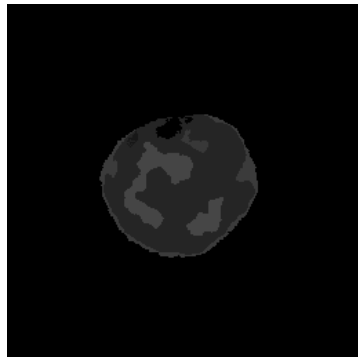
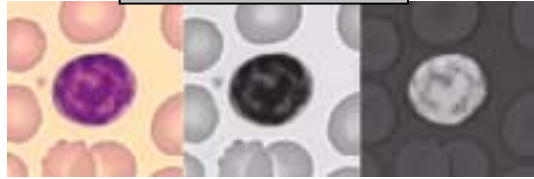


*Image des régions qui contiendraient un cercle $C=10$ pixels
Reconstruction par marqueur. Le marqueur est une ouverture de taille 10*



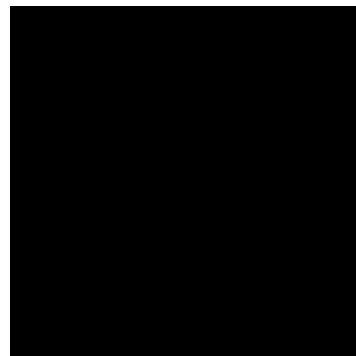
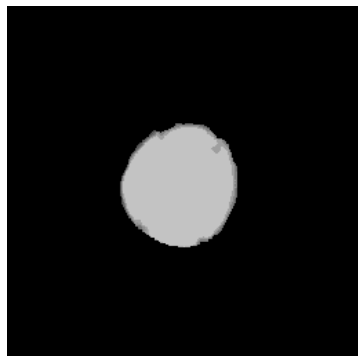
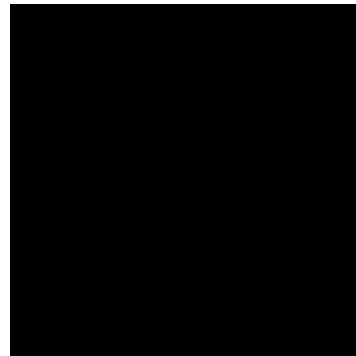
Exemples de *Jump connection*: Nucléoles absents (1)

24/23615



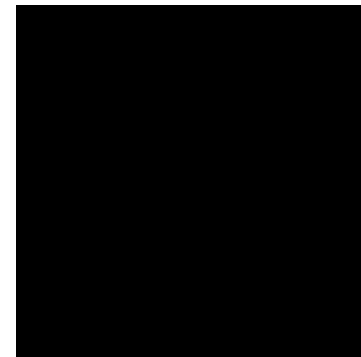
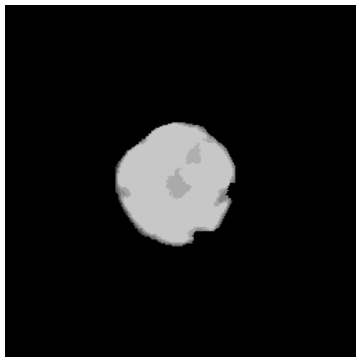
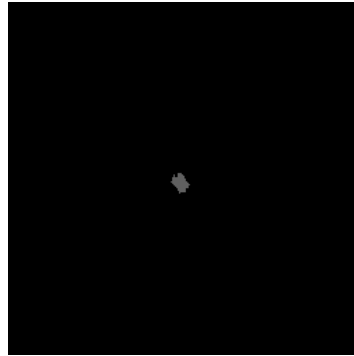
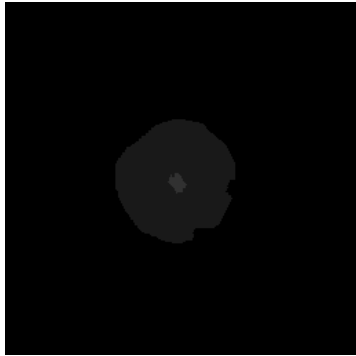
Exemples de *Jump connection*: Nucléoles absents (2)

24/23617



Exemples de *Jump connection*: Nucléoles absents (3)

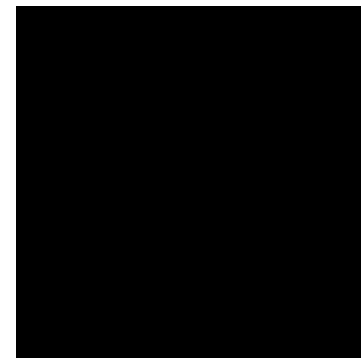
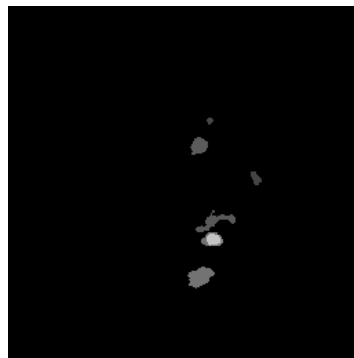
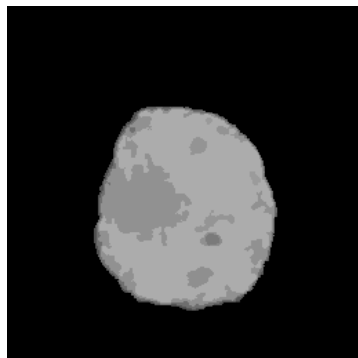
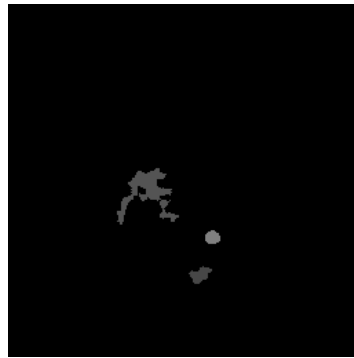
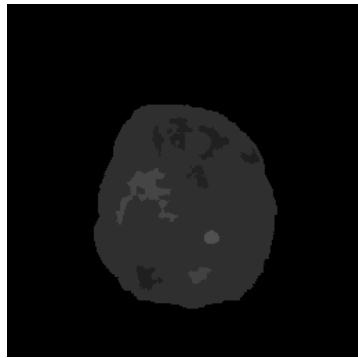
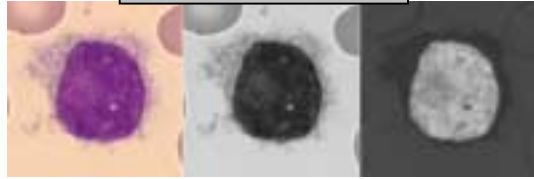
24/23619



Exemples de *Jump connection*:

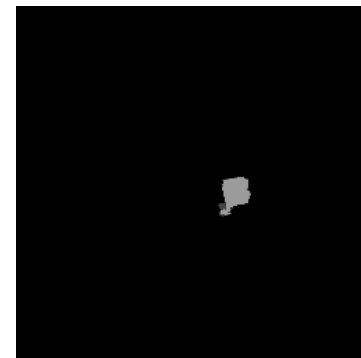
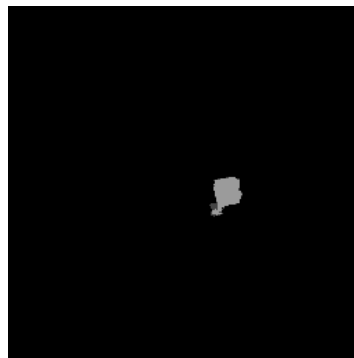
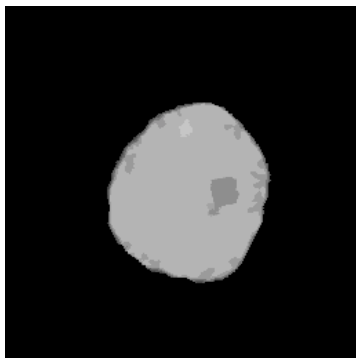
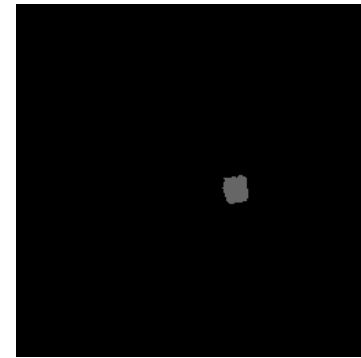
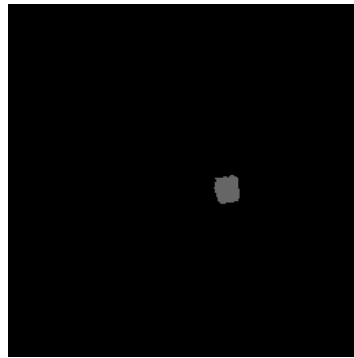
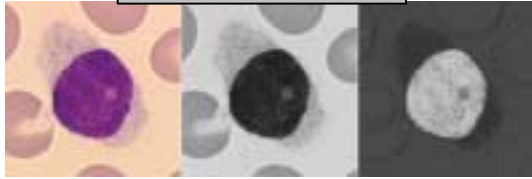
Nucléoles petits + (1)

25/24443



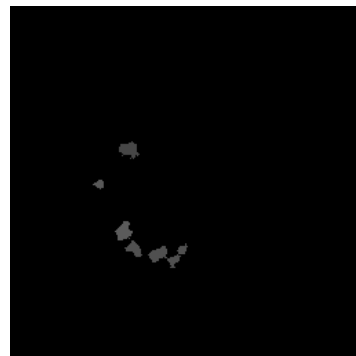
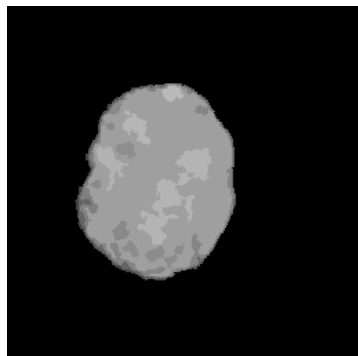
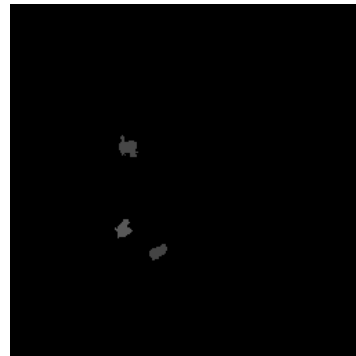
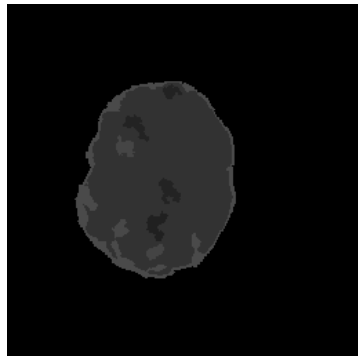
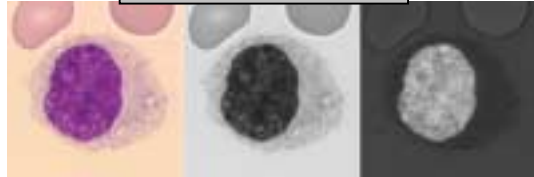
Exemples de *Jump connection*: Nucléoles petits + (2)

25/24445



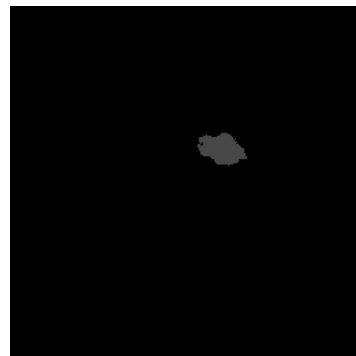
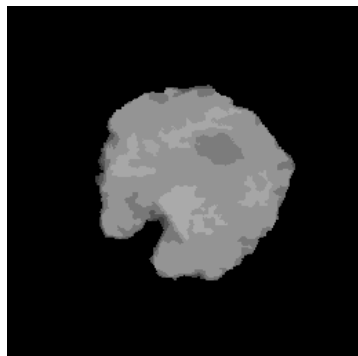
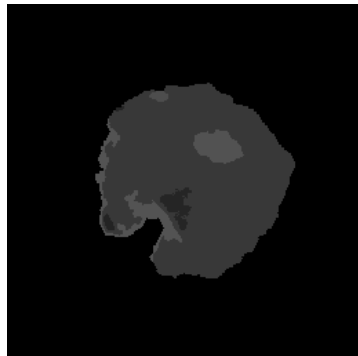
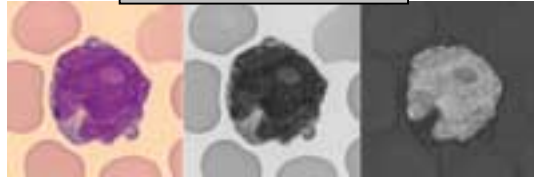
Exemples de *Jump connection*: Nucléoles petits + (3)

25/24451



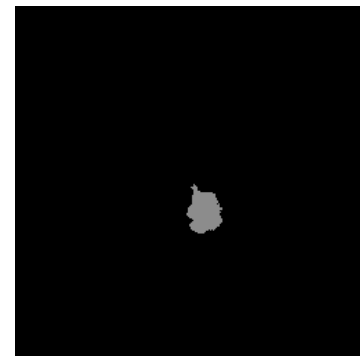
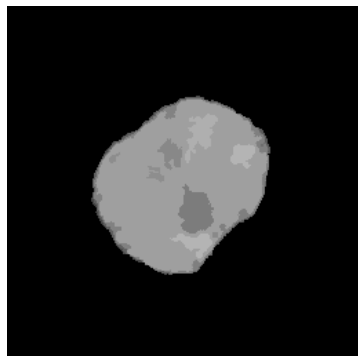
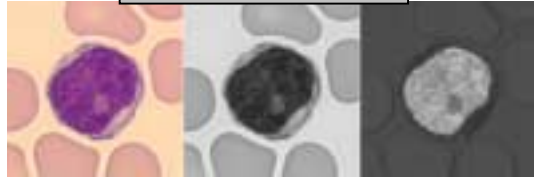
Exemples de *Jump connection*: Nucléoles ++ (1)

26/23399



Exemples de *Jump connection*: Nucléoles ++ (2)

26/23402



Exemples de *Jump connection*: Nucléoles ++ (3)

26/23743

