

# Nucléoles

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

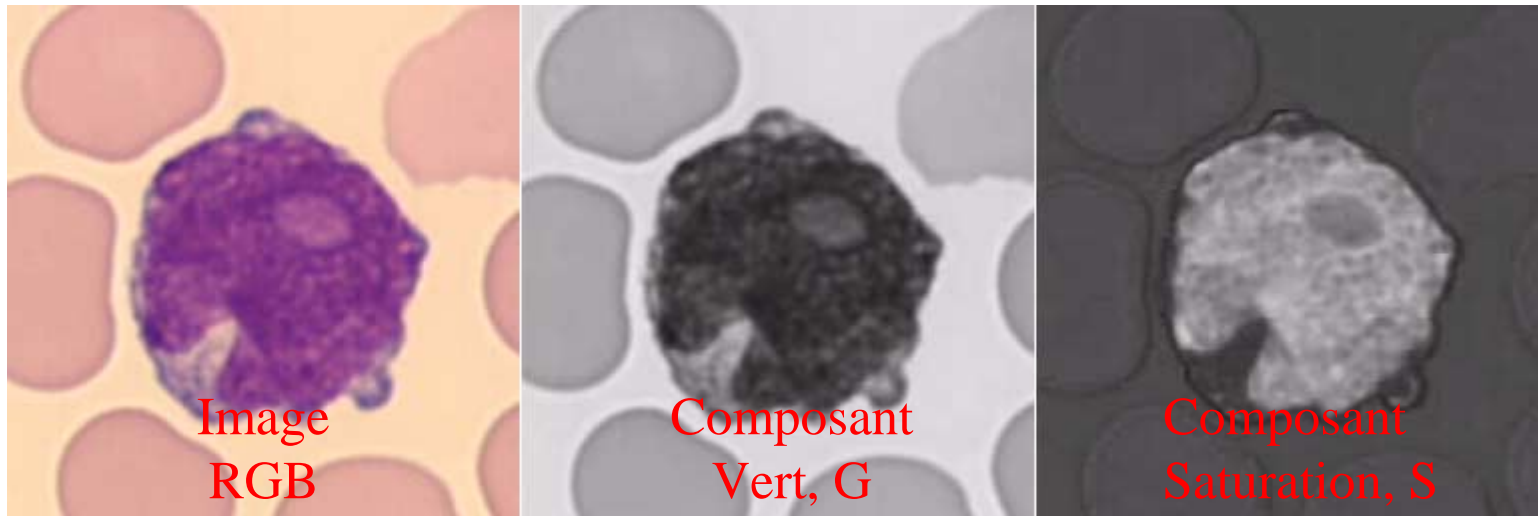


*Jesús ANGULO, Jean SERRA*

Fontainebleau, Mai 2000

Présentation du problème avec  
quelques exemples.

# Nucléole: Qu'est-ce que c'est que ça?

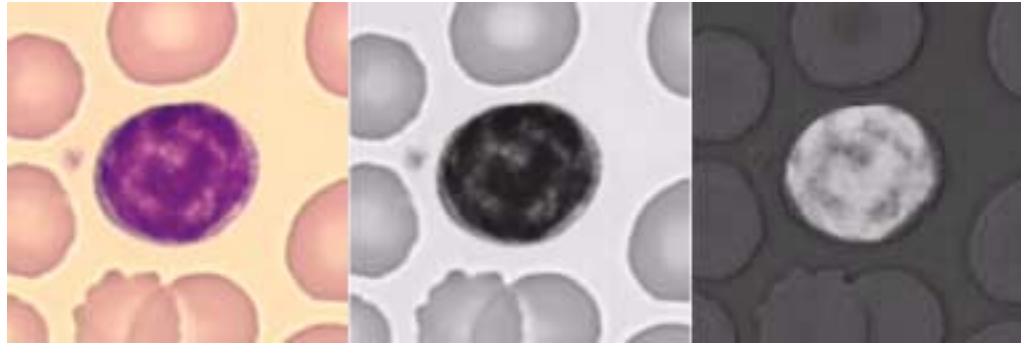


Des notre point de vue: C'est une région quasi-circulaire dans le noyau, laquelle est caractérisé par:

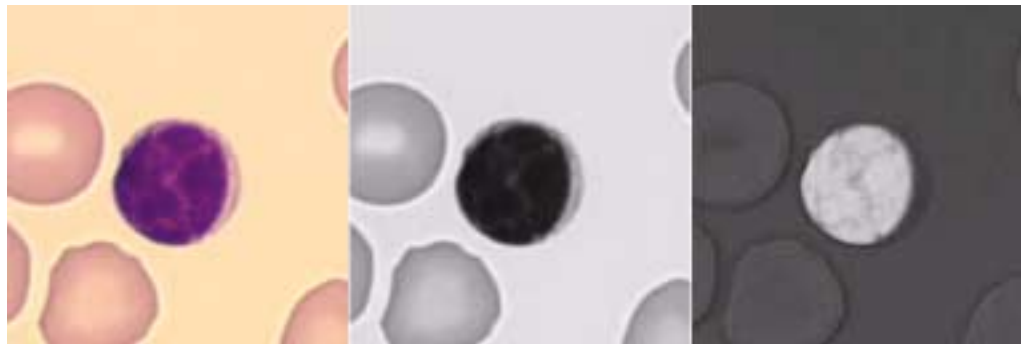
- Région plus «claire» que le reste du noyau. Pour analyser ça, on peut utiliser la Composant Vert (o la Luminance).
- La région du nucléole est moins saturée. Image intéressante pour cette caractéristique => Composant Saturation.

# Nucléoles absents

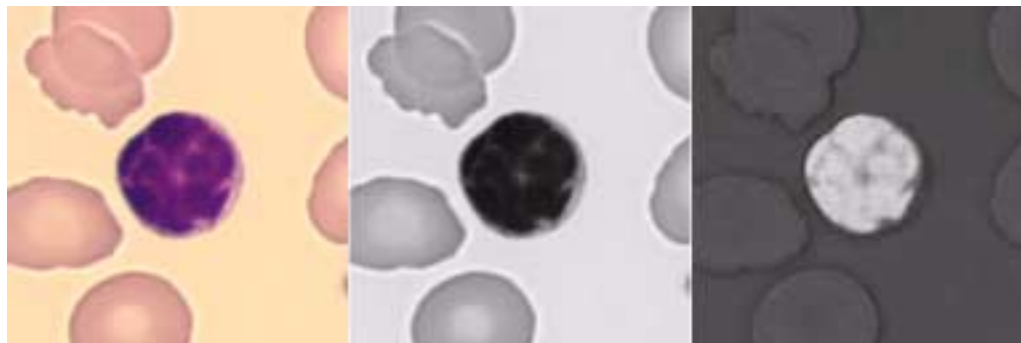
24/23615



24/23617

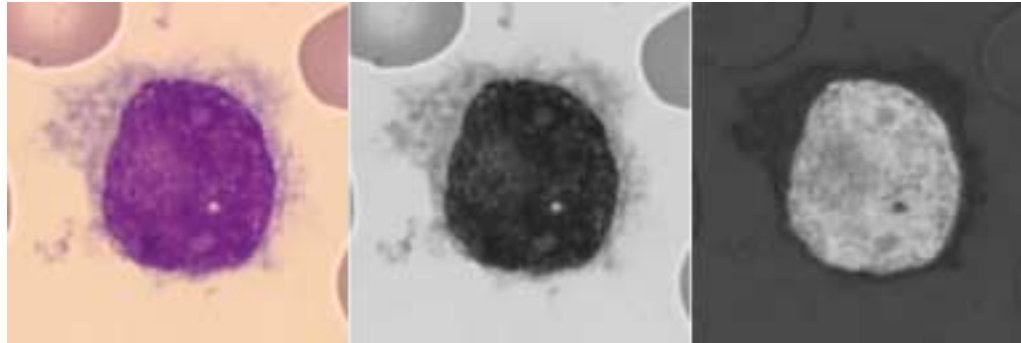


24/23619

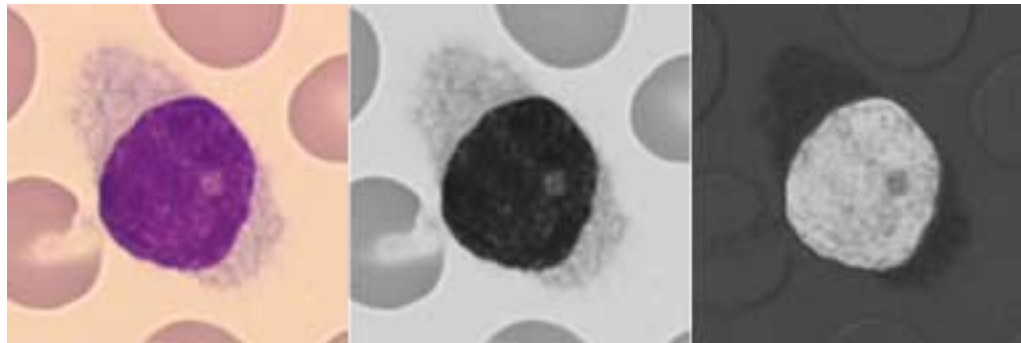


# Nucléoles petits +

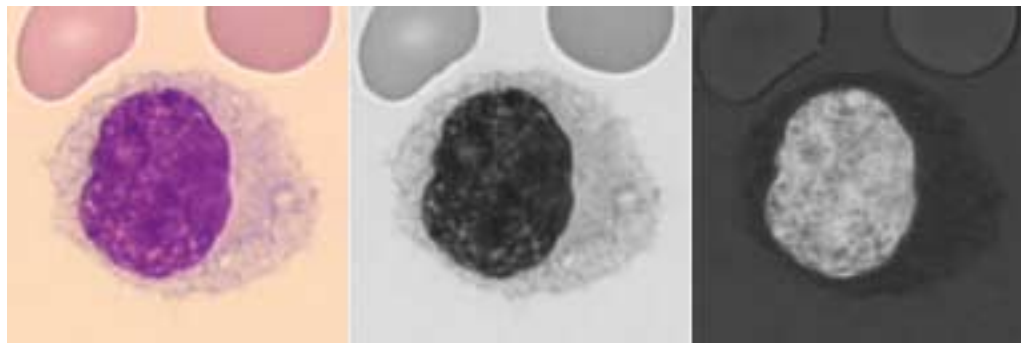
25/24443



25/24445

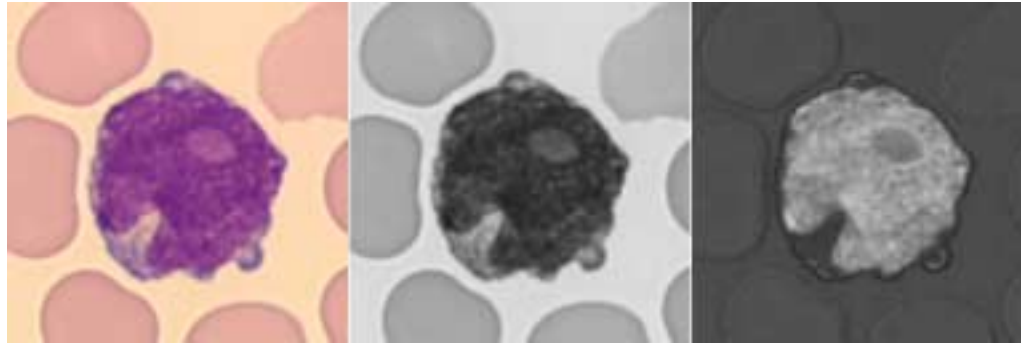


25/24451

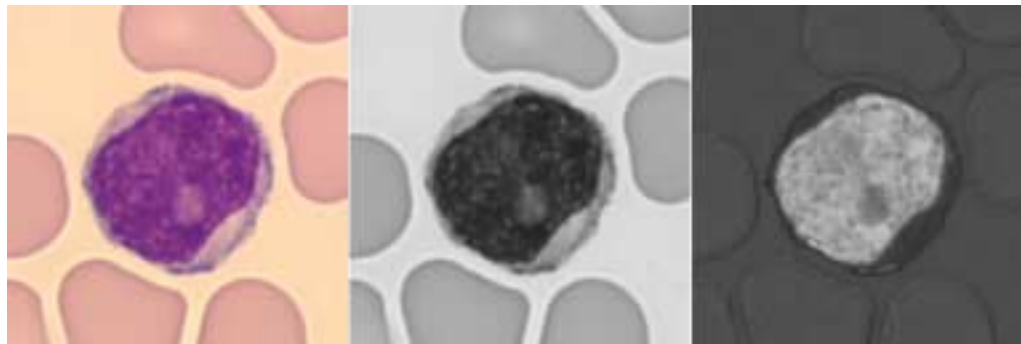


# Nucléoles ++

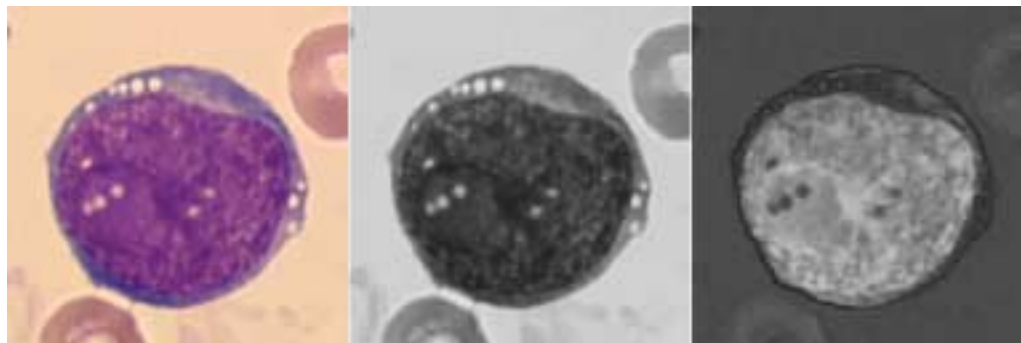
26/23399



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  $\lambda$ , 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  $\lambda$ .
- A la sorti de chaque filtre  $\lambda$  on mesure l'aire (ensembles) ou l'intégrale (fonctions), soit  $M_\lambda$ . La quantité:

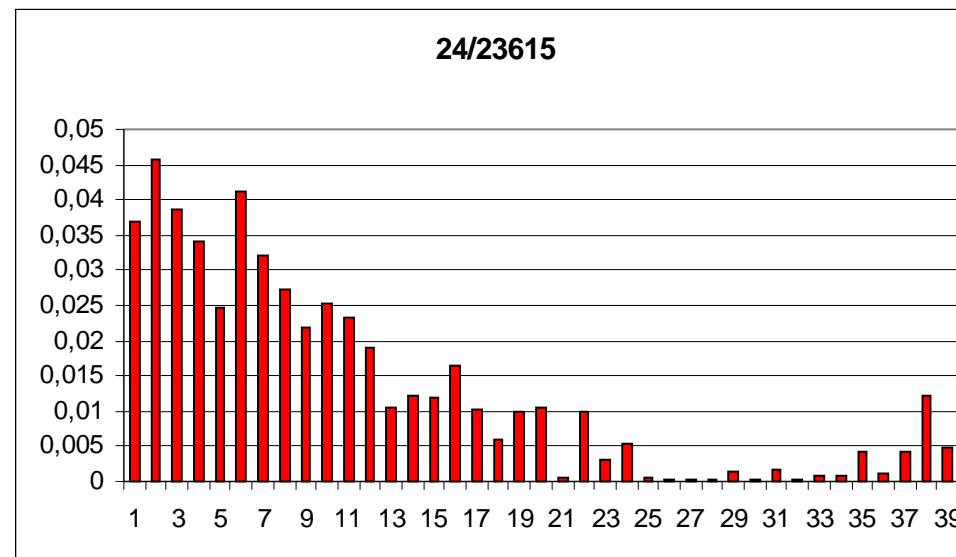
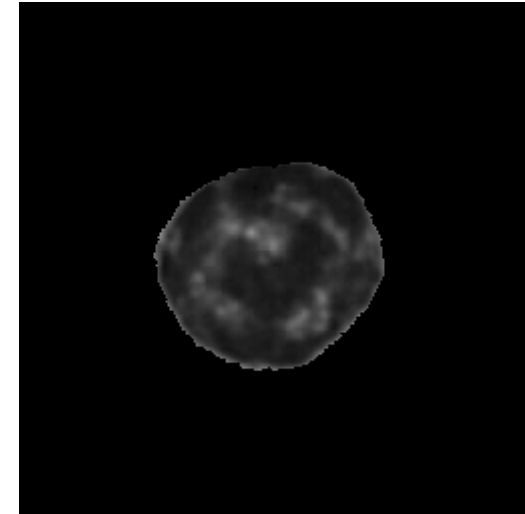
$$F_\lambda = 1 - \frac{M_\lambda}{M_0}$$

est une **fonction de distribution**.

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

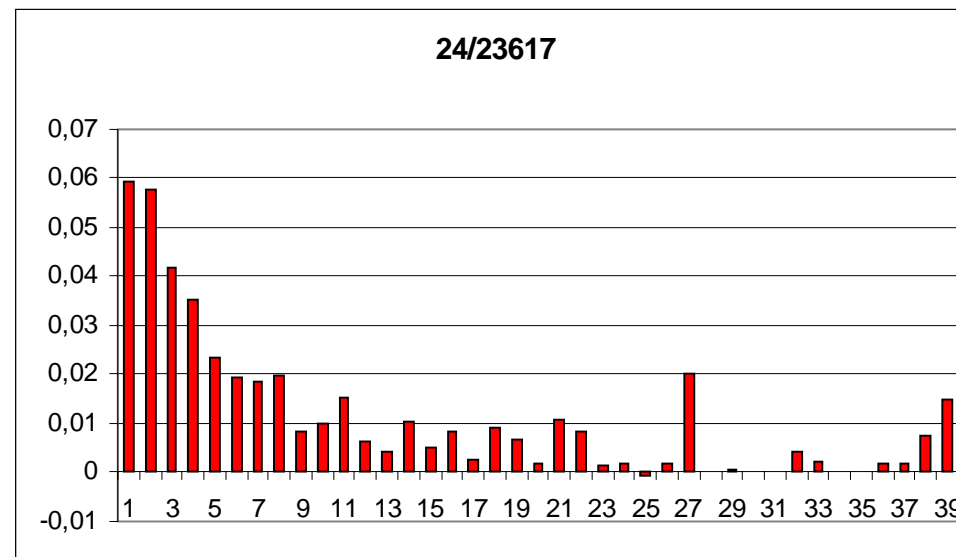
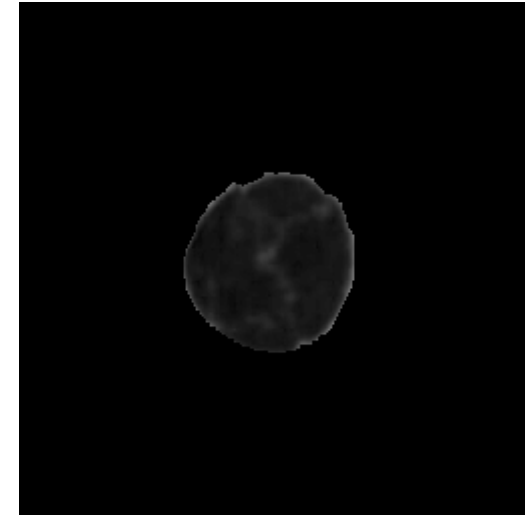
# Granulométrie: Nucléoles absents (1)

24/23615



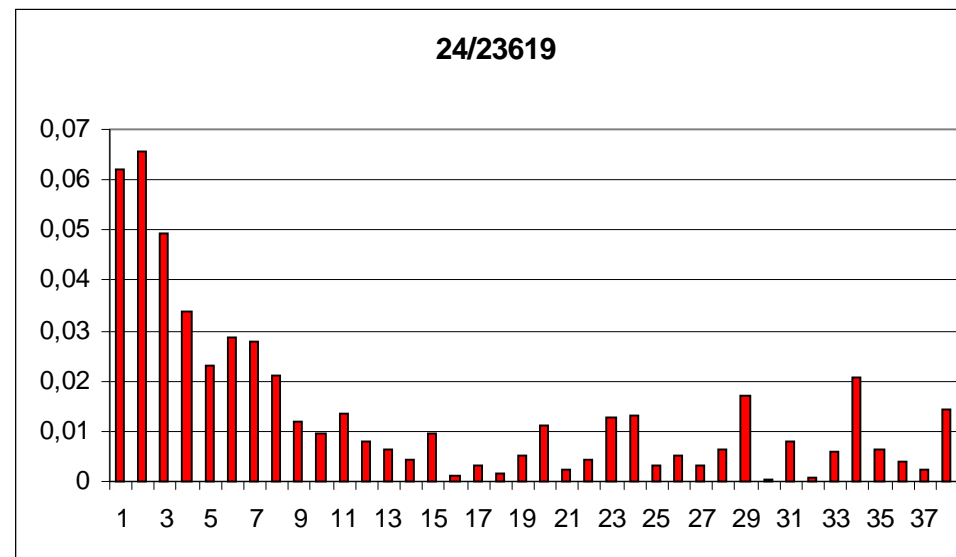
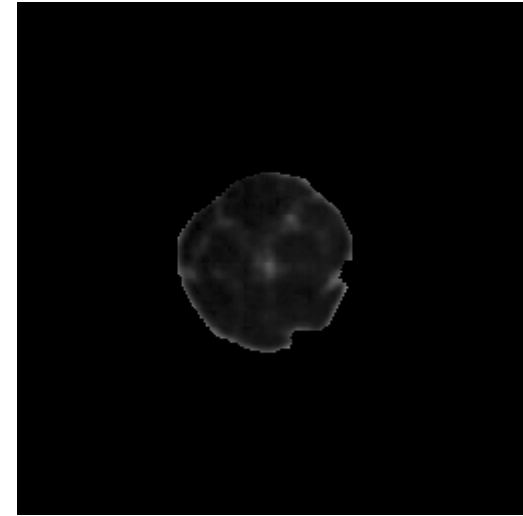
# Granulométrie: Nucléoles absents (2)

24/23617

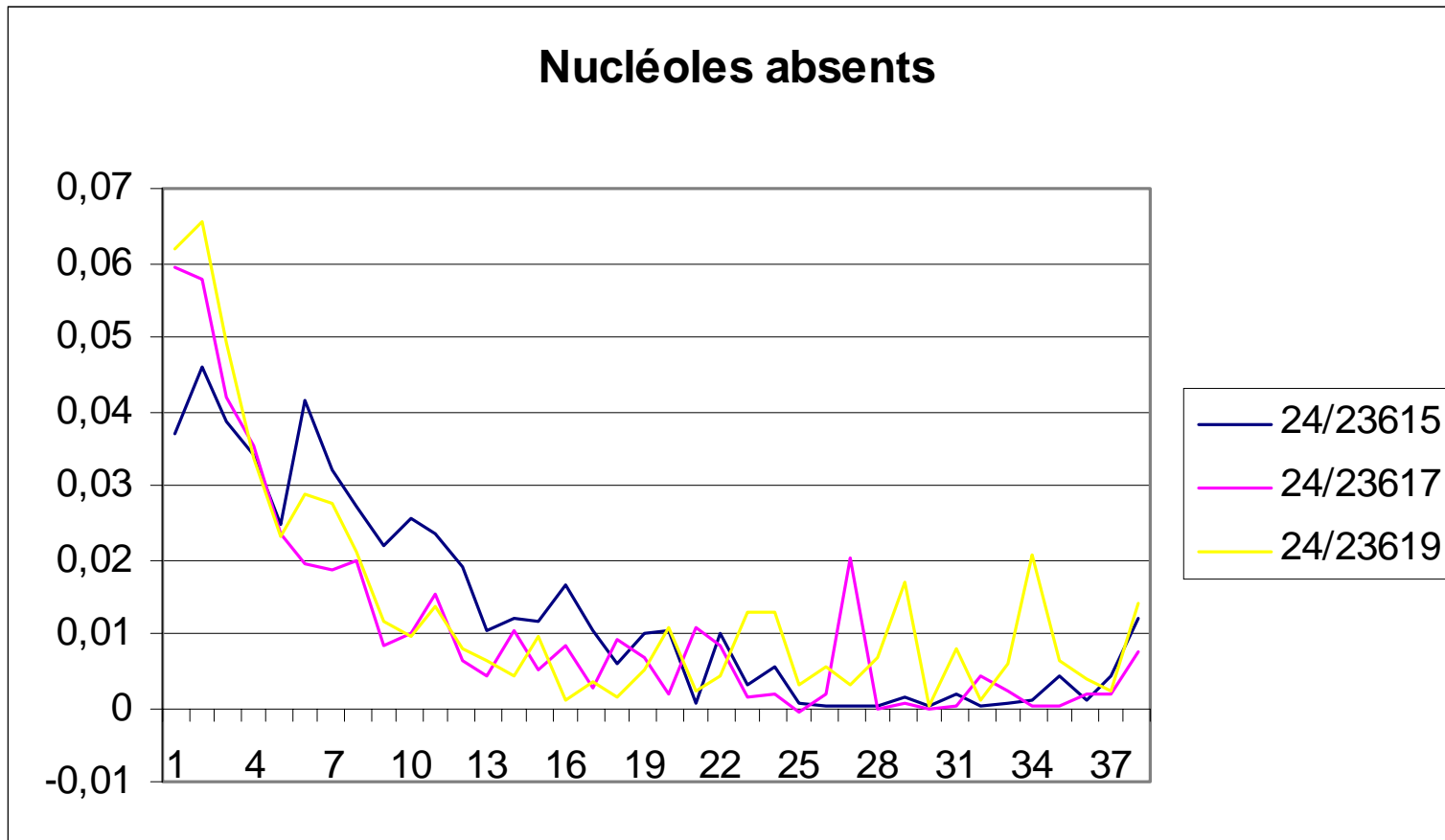


# Granulométrie: Nucléoles absents (3)

24/23619

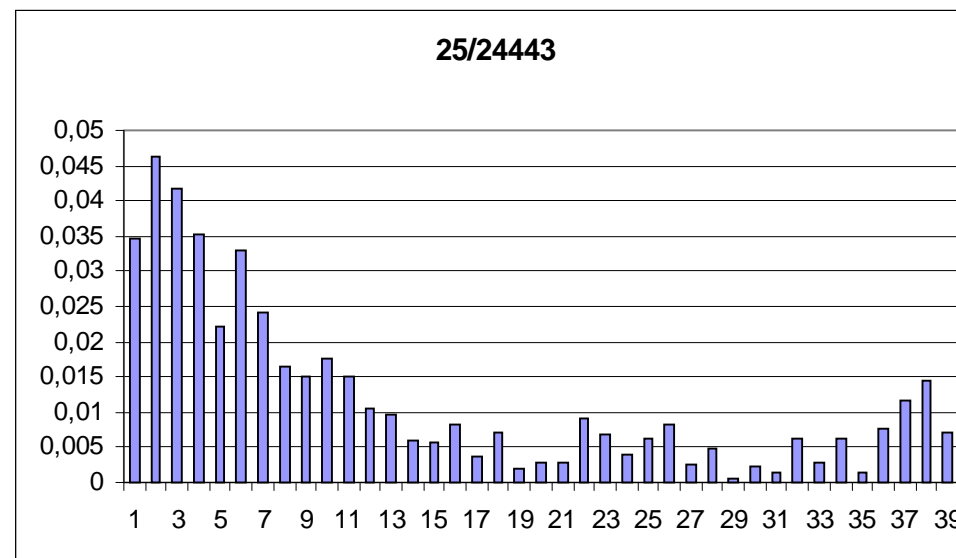
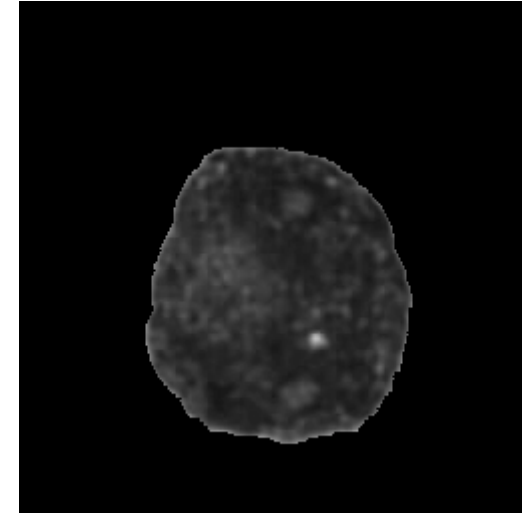
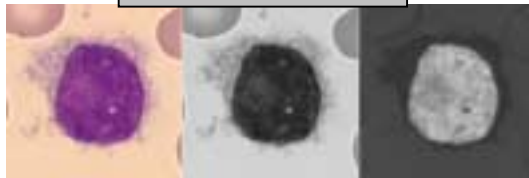


# Granulométrie: Nucléoles absents (4)



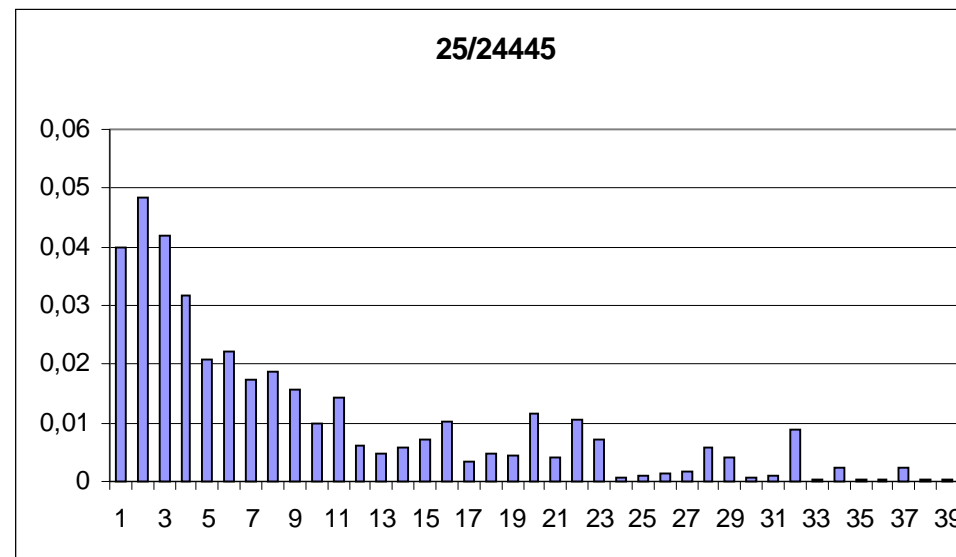
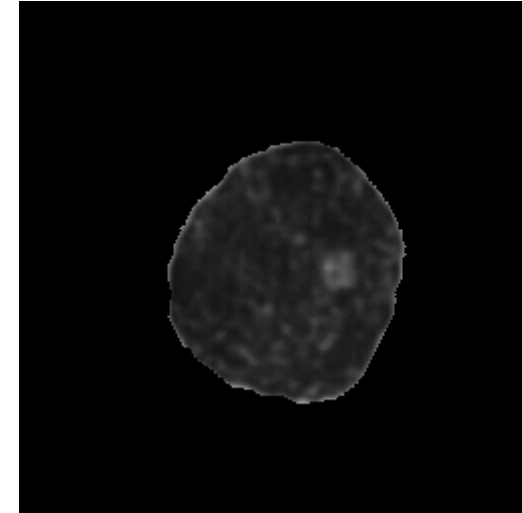
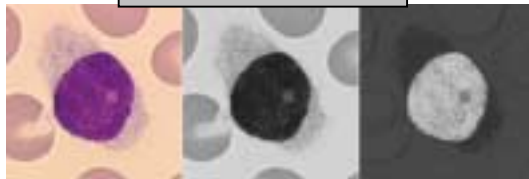
# Granulométrie: Nucléoles petits + (1)

25/24443



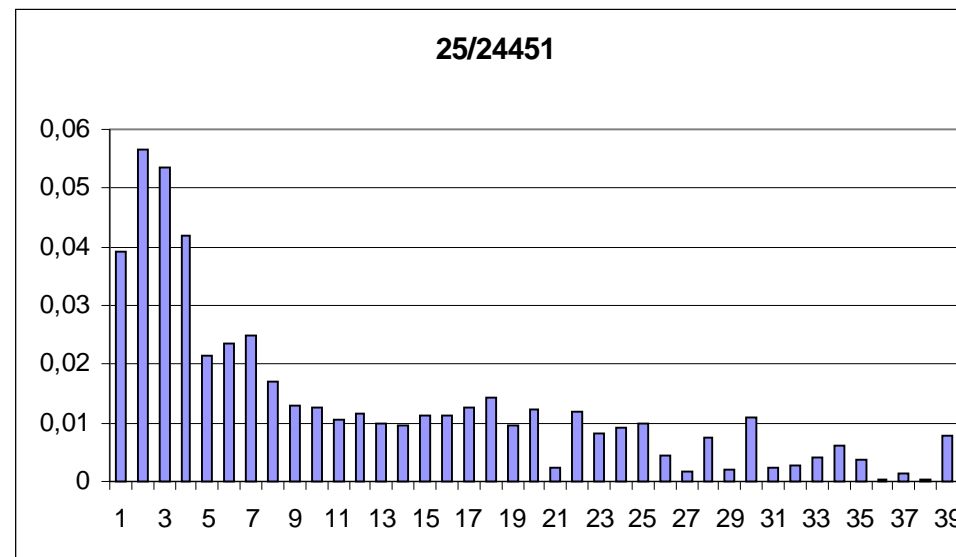
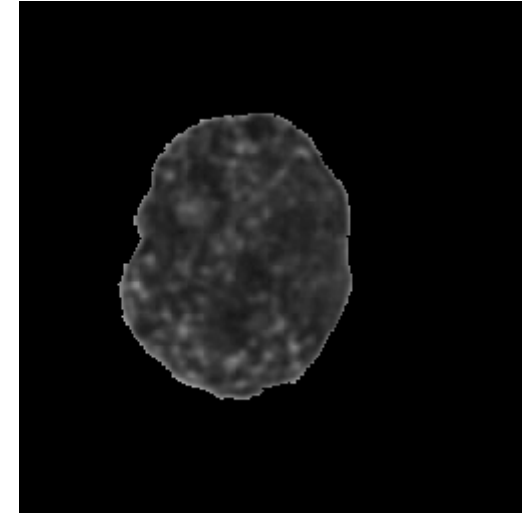
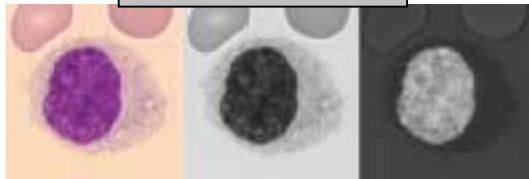
# Granulométrie: Nucléoles petits + (2)

25/24445

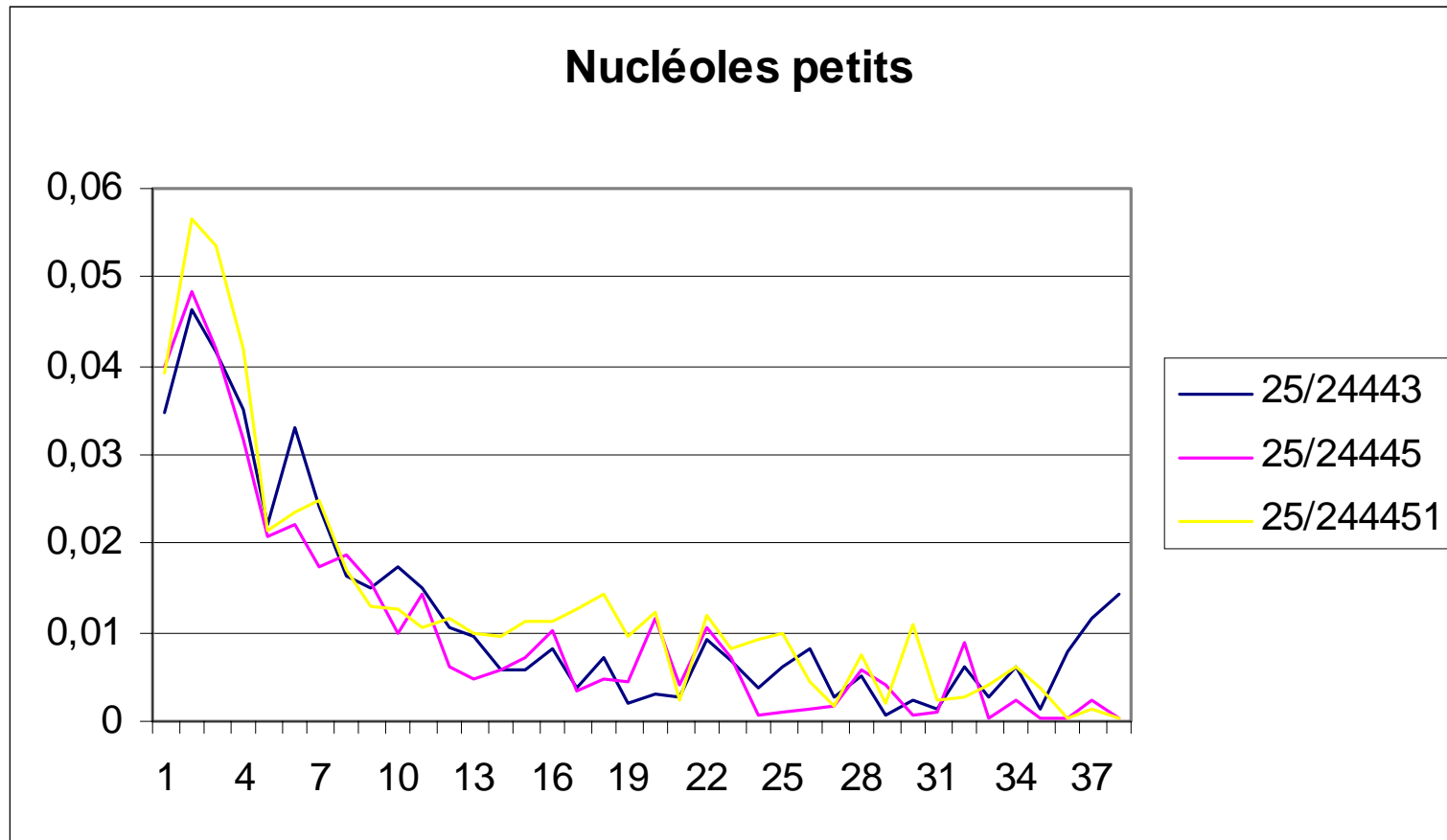


# Granulométrie: Nucléoles petits + (3)

25/24451

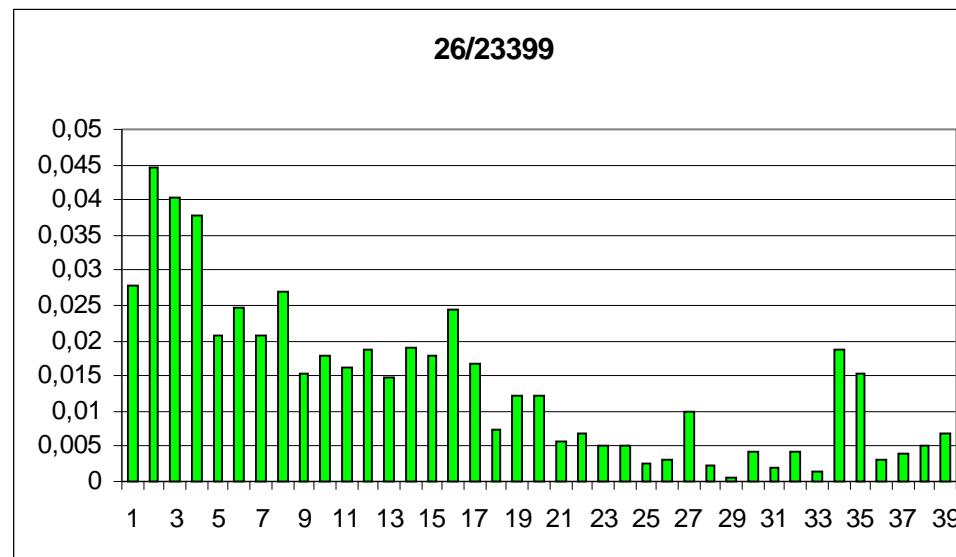
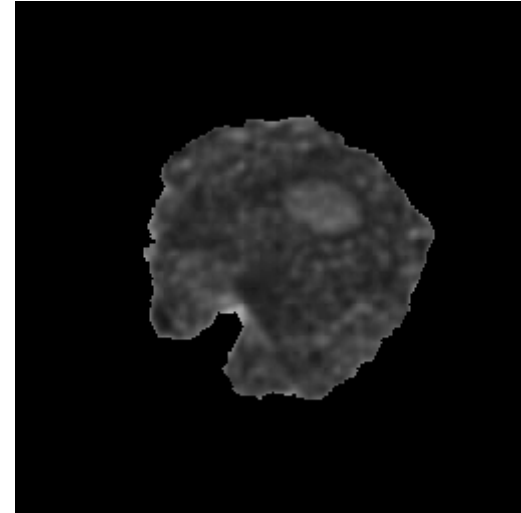
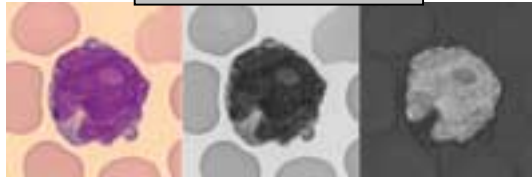


# Granulométrie: Nucléoles petits + (4)



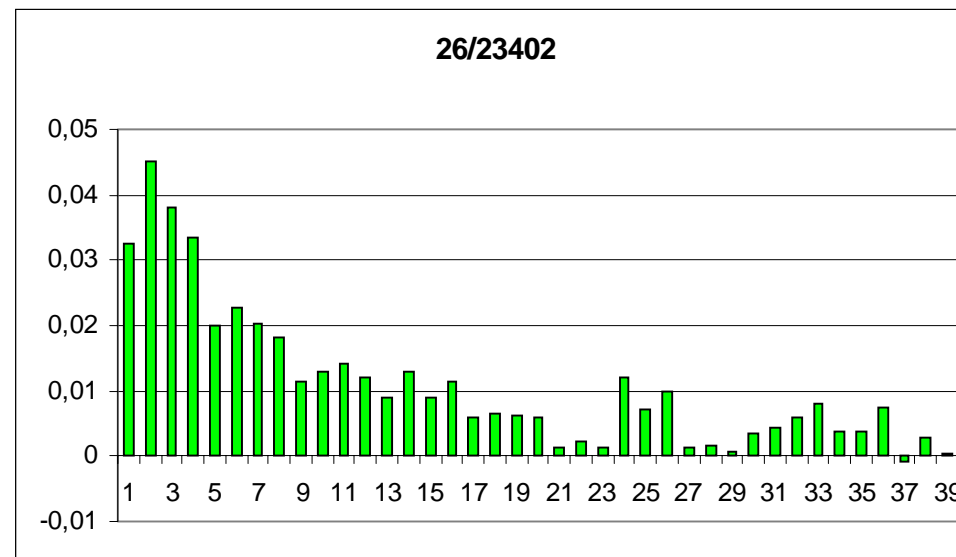
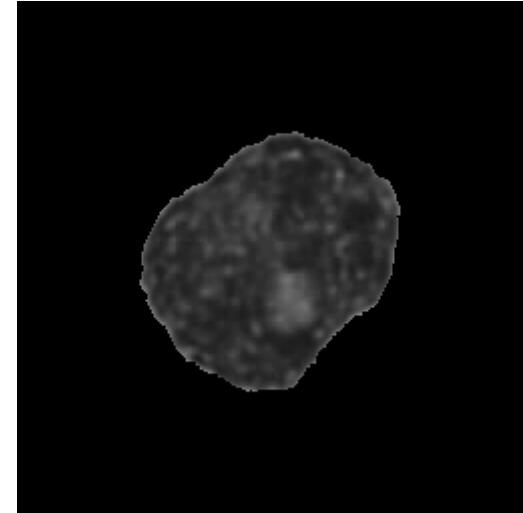
# Granulométrie: Nucléoles ++ (1)

26/23399



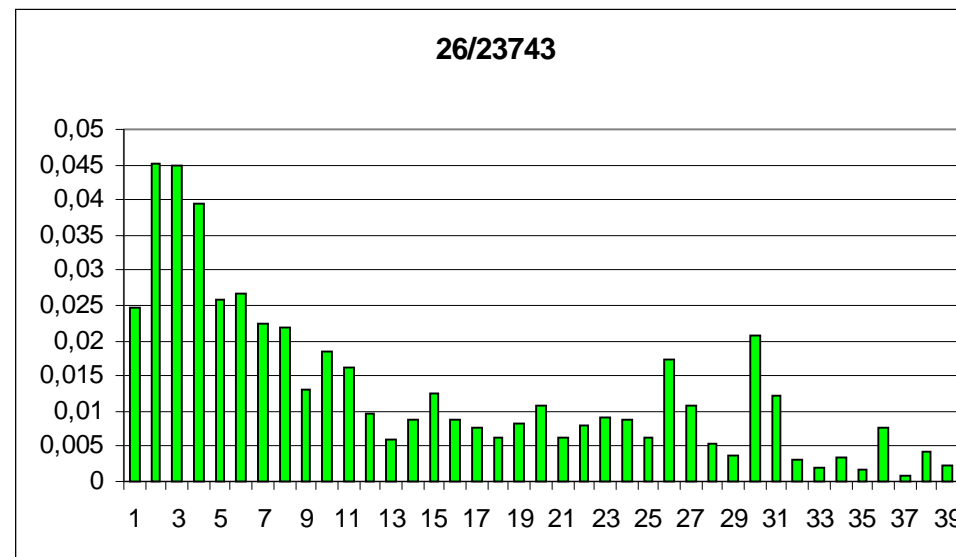
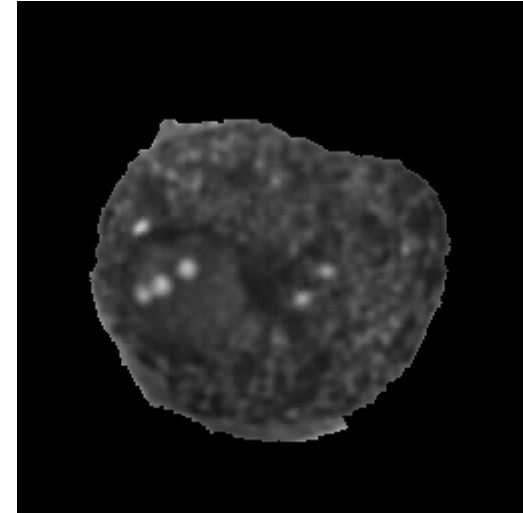
# Granulométrie: Nucléoles ++ (2)

26/23402

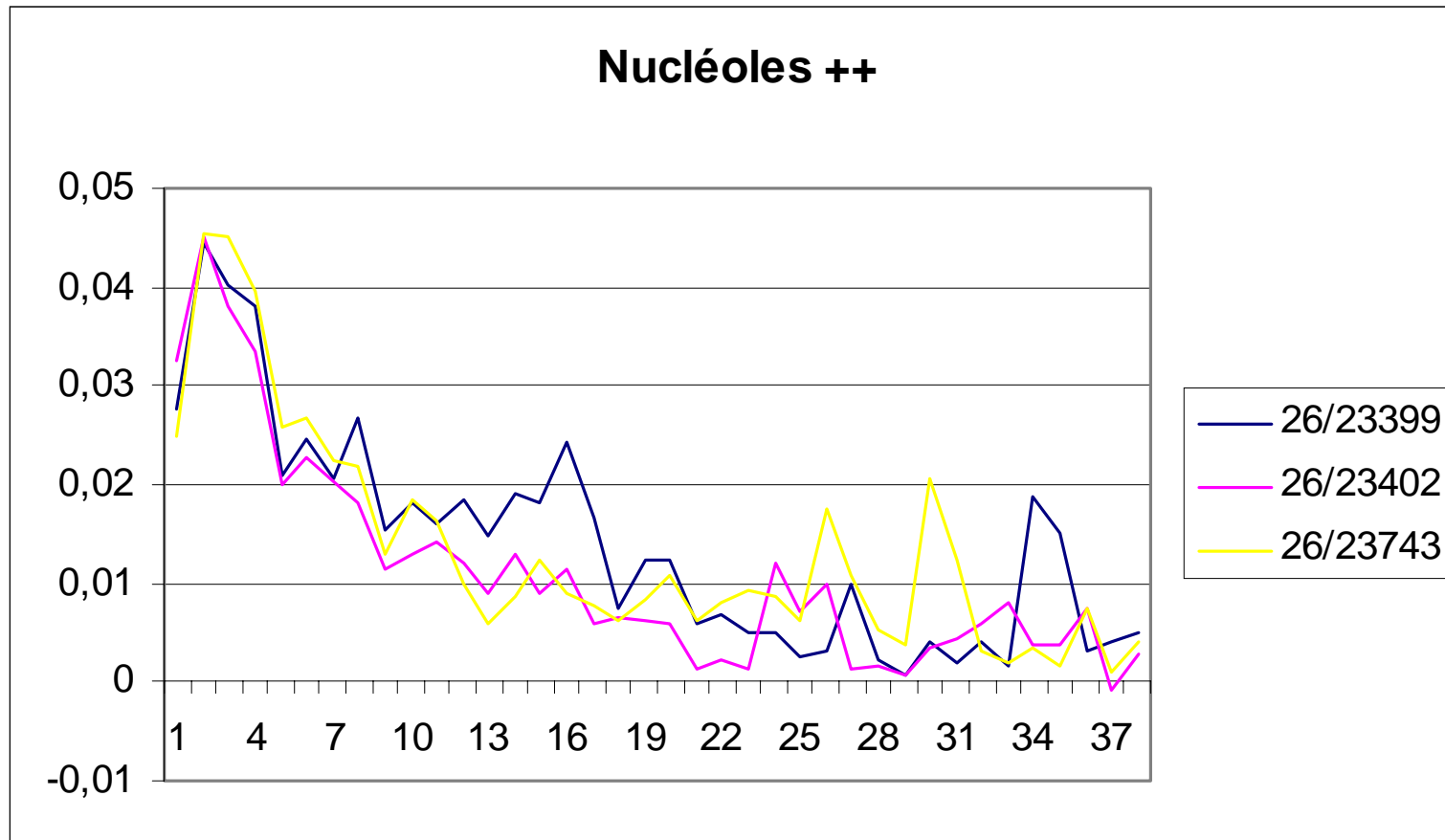


# Granulométrie: Nucléoles ++ (3)

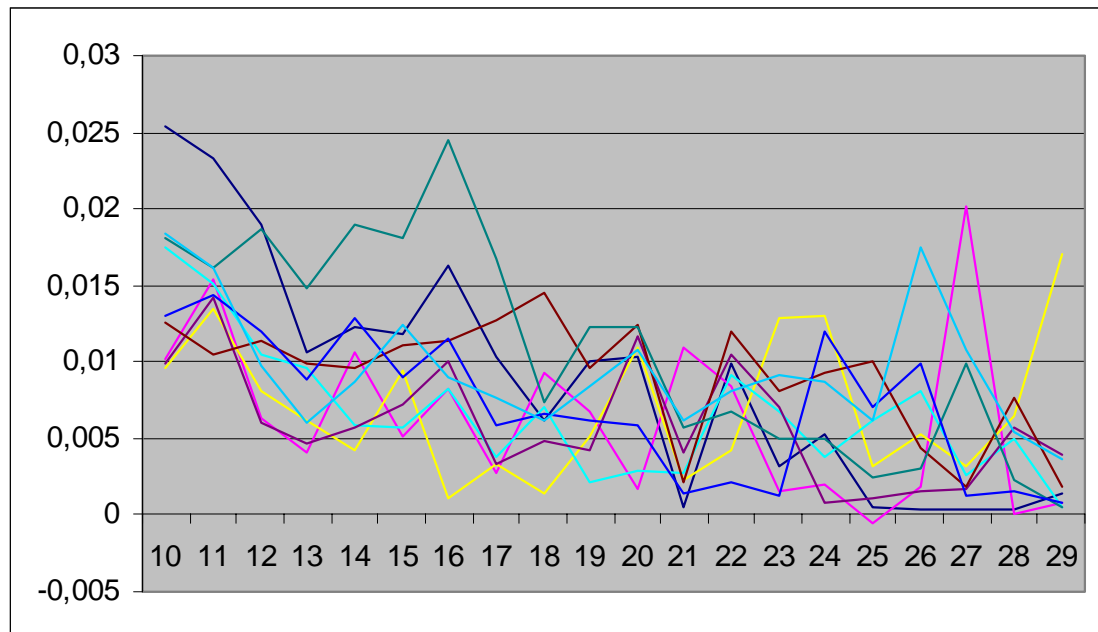
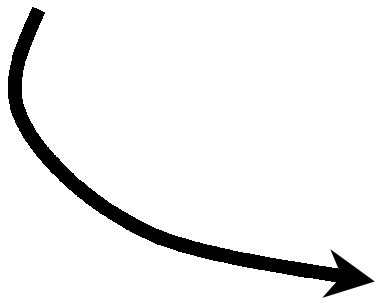
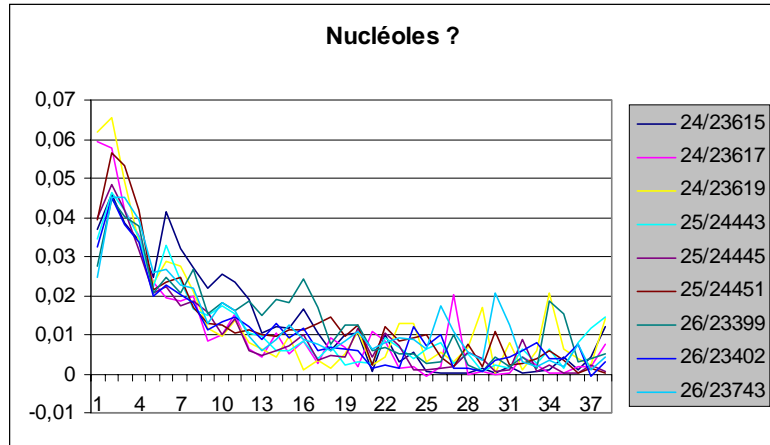
26/23743



# Granulométrie: Nucléoles ++ (4)



# Granulométrie: Comparative

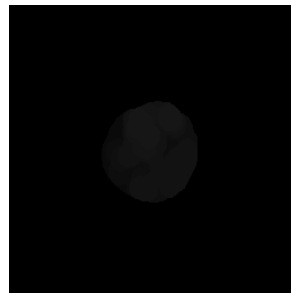
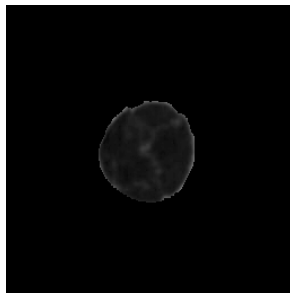


# Granulométrie: Quelques tailles d'ouverture intéressantes

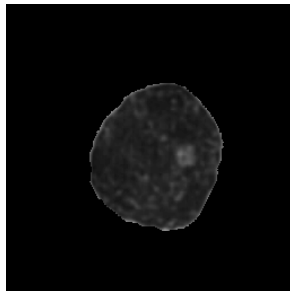
*Noyau (G)*

*Ouverture Isotrope 10*

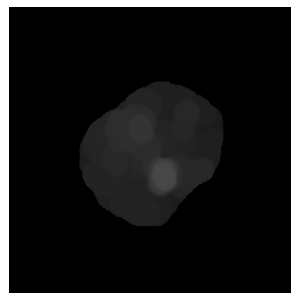
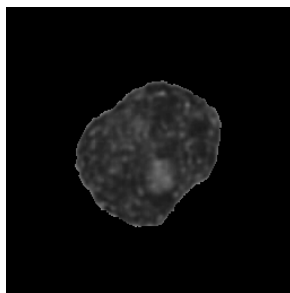
*Ouverture Isotrope 20*



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

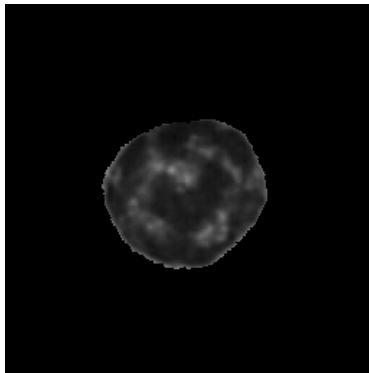
## Conclusions sur les granulométries:

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

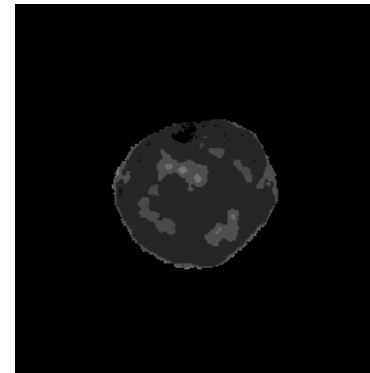
*Noyau (G)*



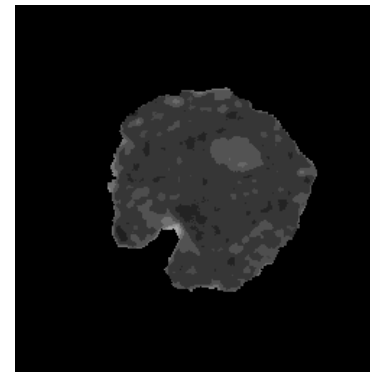
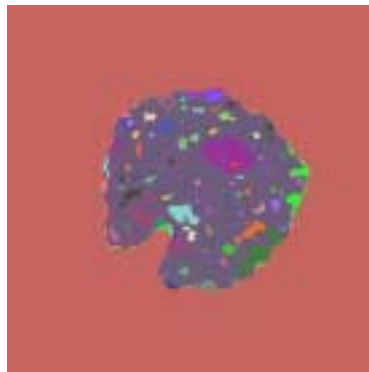
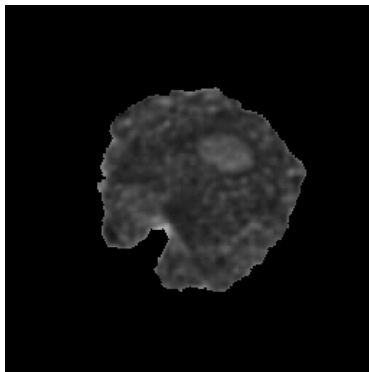
*Jump connection zones  
h=15*



*Image avec le niveau  
moyen de chaque région*



*Nombre de régions  
N=85*

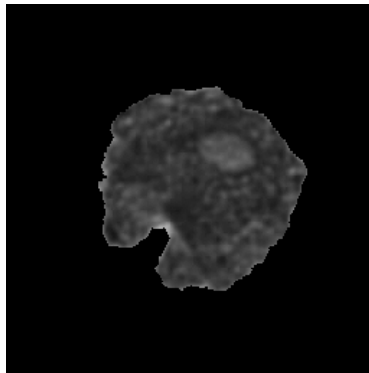


*Nombre de régions  
N=179*

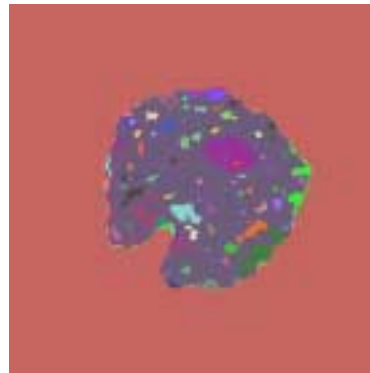
# *Jump connection: Simplifier l'image*

## *Levelings*

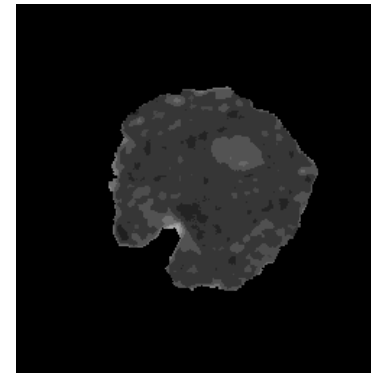
*Noyau (G)*



*Jump connection zones  
h=15*



*Image avec le niveau  
moyen de chaque région*

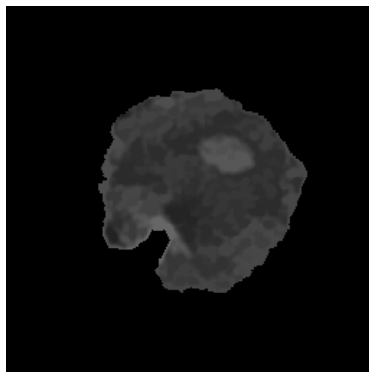


*Nombre de régions  
N=179*

**Leveling avec  
marqueur FAS  
taille 7**



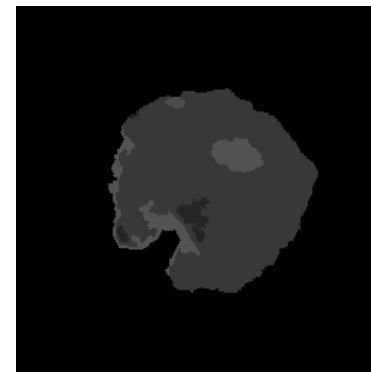
*Noyau simplifié*



*Jump connection zones  
h=15*



*Image avec le niveau  
moyen de chaque région*



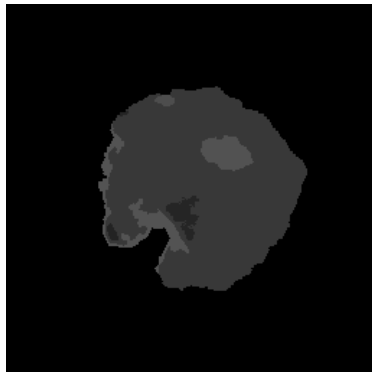
*Nombre de régions  
N=8*

# *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*



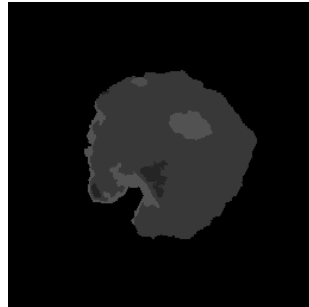
**On peut dire que cette région est susceptible d'être le nucléole**

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

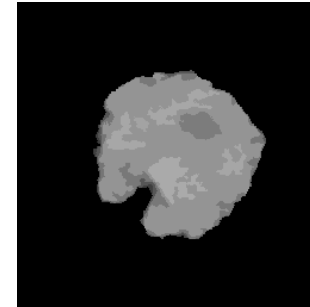
**Reconstruction par marqueur. Le marqueur est une ouverture de taille 10**

# *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*



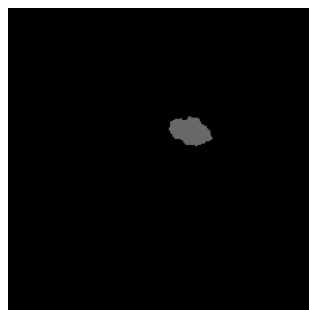
*Image des régions «claires» avec une surface  $< S=1000$  pixels  
Top-Hat sur une ouverture selon l'aire (taille 1000)*



*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*

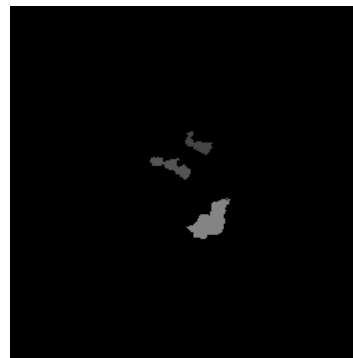
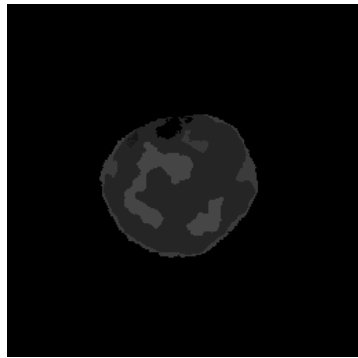
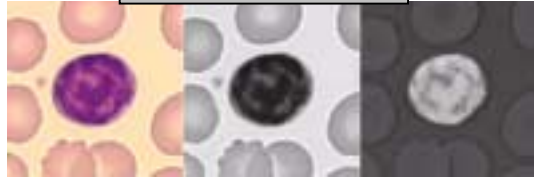


*Image des régions qui contiendraient un cercle  $C=10$  pixels  
Reconstruction par marqueur. Le marqueur est une ouverture de taille 10*



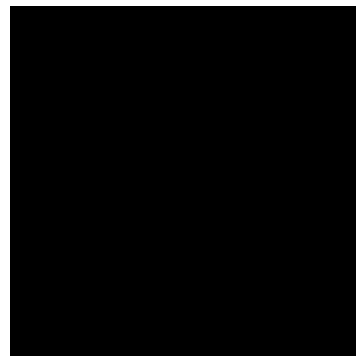
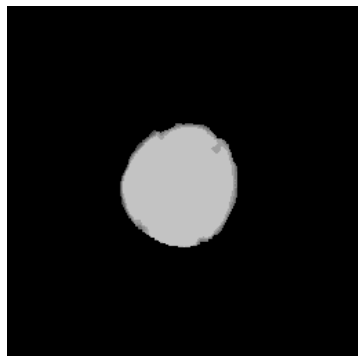
# Exemples de *Jump connection*: Nucléoles absents (1)

24/23615



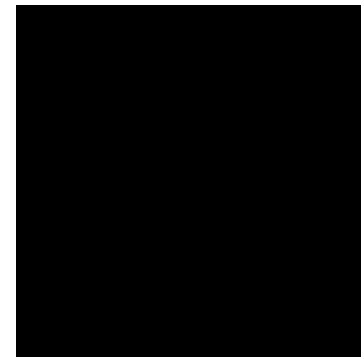
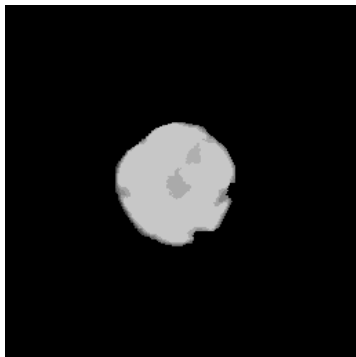
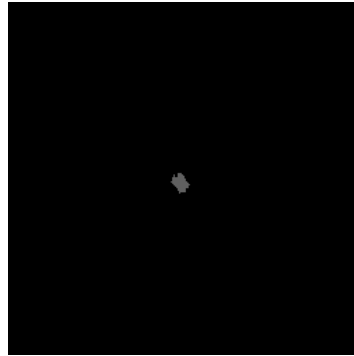
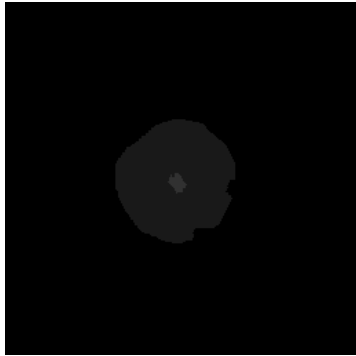
# Exemples de *Jump connection*: Nucléoles absents (2)

24/23617



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

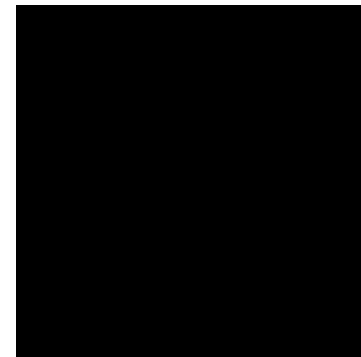
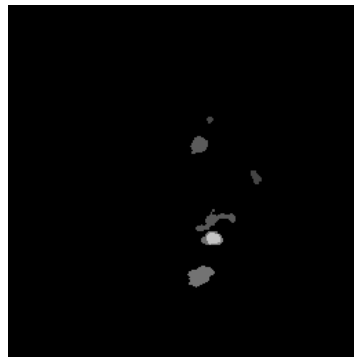
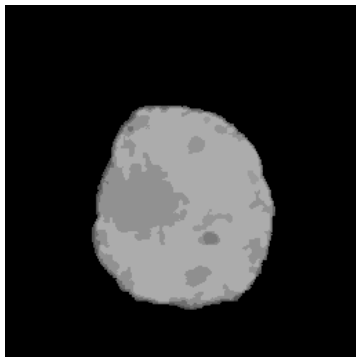
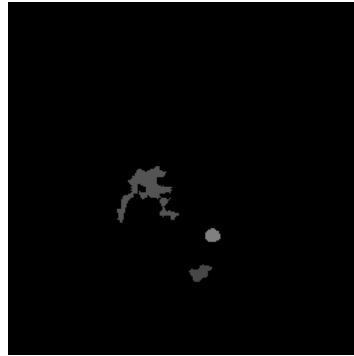
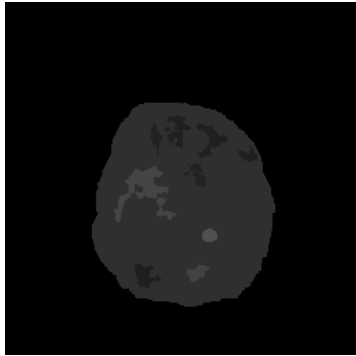
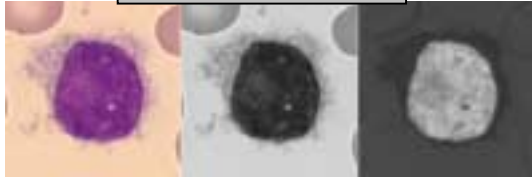
24/23619



# Exemples de *Jump connection*:

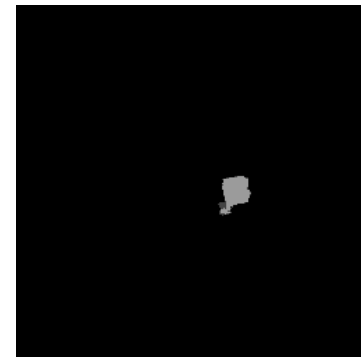
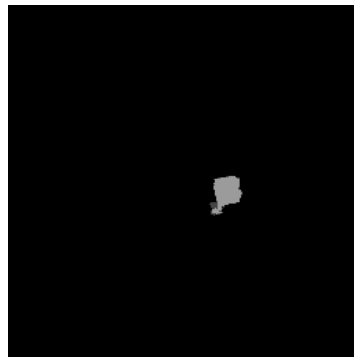
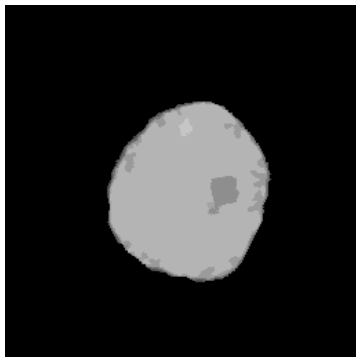
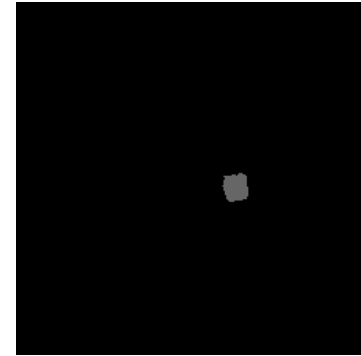
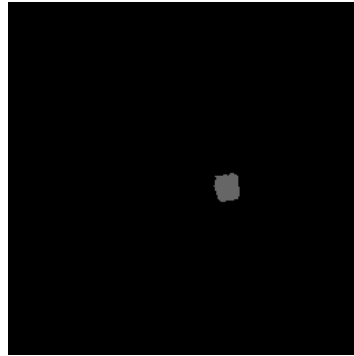
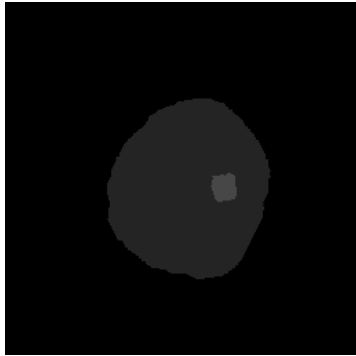
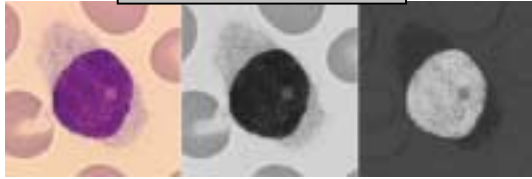
## Nucléoles petits + (1)

25/24443



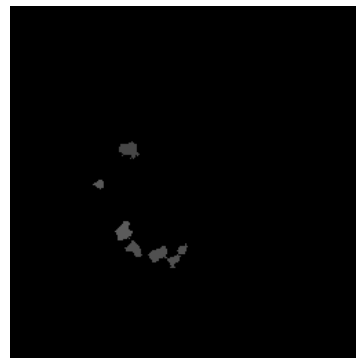
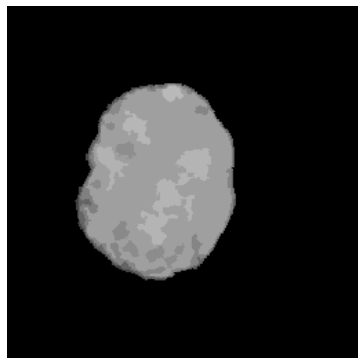
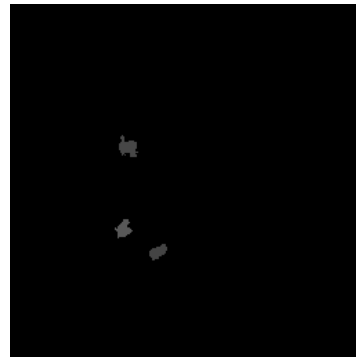
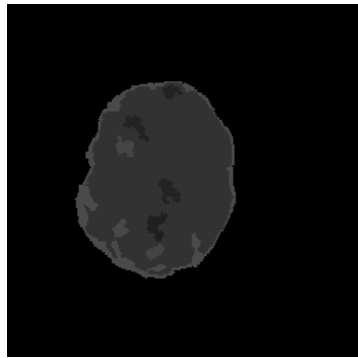
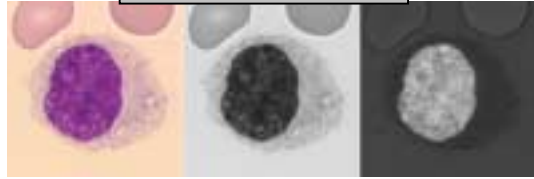
# Exemples de *Jump connection*: Nucléoles petits + (2)

25/24445



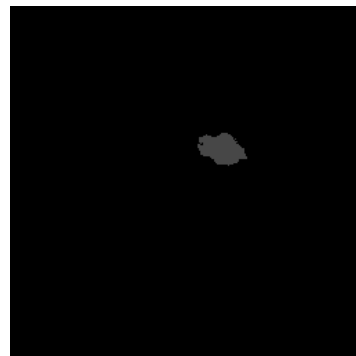
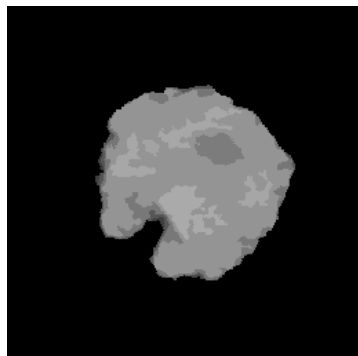
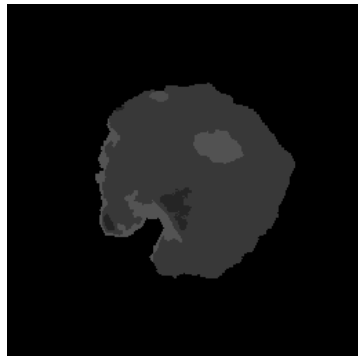
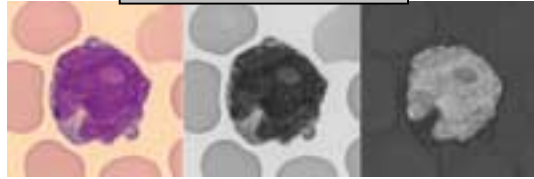
# Exemples de *Jump connection*: Nucléoles petits + (3)

25/24451



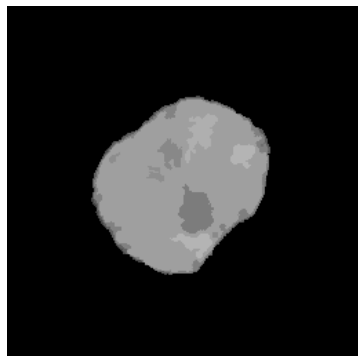
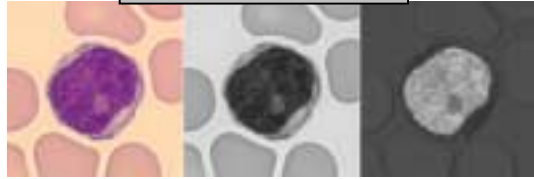
# Exemples de *Jump connection*: Nucléoles ++ (1)

26/23399



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

26/23402



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

26/23743

