

Morphometry brightfield et fluo

Segmentation d'une image en fonction de la luminance, de la teinte et de critères morpho mathématiques conduisant à une description exhaustive des tissus et cellules.

Morphometry permet la création de macros d'analyse variées et est couramment utilisée pour la quantification de la fibrose, des noyaux, des structures histologiques, de corps cellulaires...

Suite Immuno (IHC – Immunohistochimie)

Cet algorithme fonctionne sur des lames marquées en IHC indépendamment du tissu ou de l'anticorps. Il permet le screening automatisé des anticorps sur coupes histologiques.

La suite Immuno intègre notamment :

- Une déconvolution couleur sur le marquage
- Une segmentation des objets suivis d'une mise en catégorie (positif/négatif ou 0, 1, 2, 3)
- Une description précise des populations

IHC Noyaux
Analyse en surface ou par objet, des noyaux dans un marquage IHC. Segmentation des noyaux en clusters.

IHC Membrane
Analyse des membranes positives sur la base de l'intensité et de la complétude du tissu. Approche globale ou par objet.

IHC Cytoplasme
Analyse de la positivité du marquage dans le cytoplasme. Approche globale ou par surface.

Vessels
Analyse et description des vaisseaux marqués en IHC, incluant le calcul de la MVD.

ISH

Quantification des lames d'hybridations in situ.

En CISH/FISH, l'algorithme permet de segmenter le noyau et de détecter le gène et son contrôle. Le résultat propose une classification des noyaux basée sur l'amplification du gène.

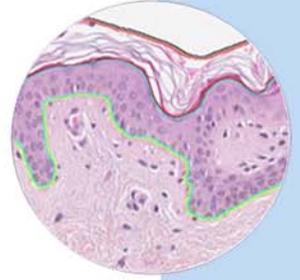
En RNA scope, l'algorithme quantifie le nombre de points présents dans chaque noyau et classe les cellules en fonction de l'expression du gène recherché.

Tissue recognition

Reconnaissance et identification des tissus en machine learning.

Segmentation des différentes classes de tissus (par exemple d'un stroma ou d'une tumeur), à partir d'images d'apprentissage. L'analyse du tissu s'appuie sur la couleur, la détection des bords, l'orientation des éléments et la texture.

Tissue recognition permet aussi la création automatique de régions d'analyse, la description en surface et en profondeur d'un tissu.

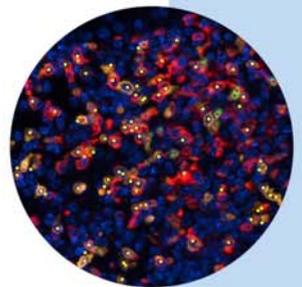


Cell Recognition

Identification et dénombrement des cellules en machine learning.

Détection des cellules, sur différents types de marquage (IHC, multiplexage, chromogénique et fluorescence) à partir d'images d'apprentissage. L'algorithme Cell Recognition peut segmenter jusqu'à cinq classes d'objets à partir de critères de couleur, de contours et de textures.

Cell Recognition permet ainsi d'étudier pour une population cellulaire donnée leur intensité, leur voisinage, et leurs colocalisations protéiques éventuelles.

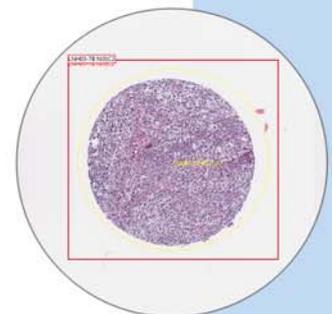


TMA Crop & Score (Tissue Microarray)

Identification et individualisation des spots d'une lame pour leur gestion numérique :

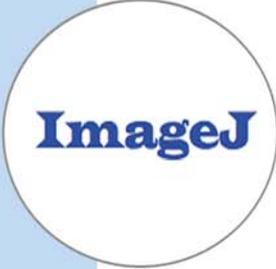
- Localisation des spots sur la lame à partir du fichier de fabrication de l'Arrayer
- Scoring manuel de chaque spot sur une grille de lecture
- Exportation des résultats vers un fichier Excel

Associé aux autres algorithmes, TMA Crop & Score permet la lecture automatisée du marquage.



Connecteur ImageJ

Module d'intégration de plug-ins d'analyses d'images développés dans ImageJ permettant, de mettre au point vos propres macros d'analyse et de les associer aux stations de travail pour bénéficier de l'environnement de gestion et d'exploitation générique de CaloPix.



ImageJ