

# Sistema para el análisis de cromosomas de plantas

D. Medina Martín y L. H. Peraza González\*

**S**e describe un sistema destinado a la automatización de los trabajos de reconocimiento, análisis e interpretación de cromosomas de plantas, permitiendo llevar a cabo las etapas del análisis de una forma más cómoda y rápida que en los procedimientos citológicos ordinarios mediante las técnicas del procesamiento de imágenes.

*The paper describes a computer system for the automation workers of recognition, analysis and interpretation of plant chromosomes. This system permit to carry out the analysis in a more comfortable and faster way, using the image processing techniques.*

## Introducción

El interés en la obtención de datos numéricos de imágenes de cromosomas data de muchos años atrás. Según se reporta en la literatura especializada (Fukui, 1988; Iijima y Fukui, 1991), por lo voluminoso de estos datos y por la necesidad de que los mismos sean confiables, desde la década del 60 se han desarrollado o aplicado varios instrumentos al estudio de los cromosomas, entre ellos densitómetros, sistemas de monitoreo, etc.; pero no fue hasta el año 1976 que se

desarrolló el primer sistema computarizado para el análisis de cromosomas humanos (Fukui, 1988).

El rápido desarrollo de la microelectrónica, el software y la medicina en los últimos años, ha hecho posible construir sistemas de análisis de imágenes para cromosomas humanos, por lo que actualmente existen diversos productos comerciales con este fin, incluso uno desarrollado en el país por EICISOFT.

Sin embargo, el primer sistema de análisis de imágenes de cromosomas de plantas fue concebido en 1985 en el Departamento de Biología Molecular del Instituto Nacional de Recursos Agrobiológicos de Tsukuba, Japón (Fukui, 1988; Iijima y Fukui, 1991), existiendo actualmente otros, fundamentalmente en países desarrollados ("Image C-Chromo: Users' Guide", RDA).

El sistema que se describe en este trabajo, nombrado CromoSoft, persigue suplir la necesidad de un sistema de este tipo en el país, con el objetivo de impulsar los trabajos de citogenética vegetal asociada a la radiomutagénesis, por la importancia que esta rama de investigación reviste para nuestro desarrollo agrícola.

El sistema permite interpretar de forma sencilla diversas imágenes auxiliándose de funciones para su mejoramiento, filtraje,

\* Centro de Estudios Aplicados al Desarrollo Nuclear (CEADEN).

edición, ampliación, realización de mediciones, funciones de propósito general y automatización de procesos de detección y cariotipaje.

## *Materiales y métodos*

El sistema desarrollado consta de dos partes fundamentales:

### 1. Hardware:

La parte de hardware consiste en la interfaz de una microcomputadora con una cámara de video que permite obtener la imagen directamente desde un microscopio óptico o, en su defecto, desde una fotografía. La forma general del sistema se describe en el diagrama que aparece en la Figura 1.

El microscopio óptico es de inmersión, con una resolución mínima de 100 micras y con posibilidades de adaptación de una cámara de video. Si posee fluorescencia y/o contraste de fase permite obtener imágenes de mayor calidad. Si el microscopio no tiene posibilidades de acoplamiento con una cámara de video, debe permitir obtener fotografías de la imagen con buena resolución y contraste.

La cámara de video es una cámara para acoplamiento a microscopio óptico, en blanco y negro, con una resolución aproximada de 500 líneas, con salida

de video estándar y de alta sensibilidad (menor de 3 lux). Si el trabajo se va a realizar con fotografías, la cámara es similar, pero exceptuando los aditamentos para el acoplamiento a microscopio.

El monitor de la cámara es monocromático y se utiliza fundamentalmente para buscar la zona de interés y realizar el enfoque y otros ajustes de la cámara.

La tarjeta digitalizadora fue desarrollada como parte del trabajo, va colocada en el interior de la microcomputadora y se encarga principalmente de descomponer la señal analógica de video proveniente de la cámara de video y transformarla en una serie de datos digitales que se almacenan en la memoria de la computadora.

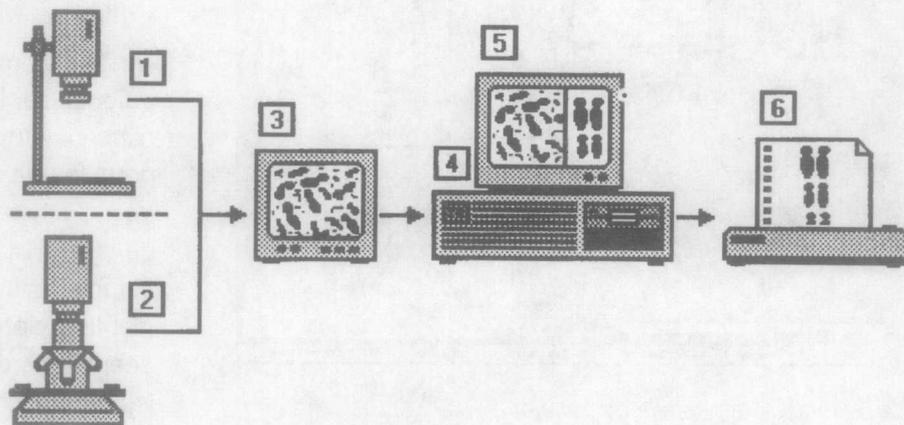
Para esto la tarjeta dispone de un conversor análogo-digital (ADC) de alta velocidad, así como de circuitos de generación de señales de muestreo de la imagen. La resolución obtenida es de 512 x 512 puntos con 64 niveles de grises.

La microcomputadora es IBM compatible AT-286 con al menos 640 Kb de memoria RAM, 20 Mbytes de disco duro y coprocesador matemático.

El display de la microcomputadora es con base en una tarjeta gráfica del tipo

**Figura 1.** Partes componentes del sistema:

1. Cámara de video-fotografía
2. Cámara de video-microscopio óptico
3. Monitor
4. Microcomputadora
5. Display
6. Impresora



EGA, VGA o XGA (Paradise VGA, Trident VGA o Tseng VGA).

La impresora es gráfica compatible IBM o de la serie Epson FX o GX (láser).

## 2. Software:

La parte de software realiza la atención a la tarjeta interfaz y las operaciones de procesamiento y análisis de las imágenes captadas a través de la cámara de video.

Las funciones principales con que cuenta el software son las siguientes:

- Captura de imágenes a través de una cámara de video.
- Lectura y escritura de imágenes en disco.
- Operaciones de edición de imágenes.
- Operaciones de preprocesamiento de imágenes.
- Obtención del histograma de la imagen.
- Definición y cambio de parámetros sobre la imagen, los cromosomas y la detección.
- Detección y extracción automática de los cromosomas.

- Cálculo de parámetros de los cromosomas detectados.
- Ordenación de los cromosomas y obtención de una propuesta de cariotipo.
- Comparación de imágenes y de cromosomas.
- Medición de distancias y longitudes.
- Operaciones específicas con cromosomas.
- Impresión de imágenes y cariotipos.
- Sistema de ayuda interactiva.

El software se desarrolló sobre la base de los métodos y técnicas del procesamiento de imágenes para dominio, fundamentalmente en lo referido al tratamiento y búsqueda por umbrales teniendo en cuenta los niveles de grises de la imagen, fue programado en lenguaje C y ensamblador y consta de una interfaz con el usuario cómoda y descriptiva (Figura 2).

## Conclusiones

Se desarrolló un sistema general orientado a humanizar el trabajo de los citogenetistas vegetales basado en la obtención de un gran número de datos de alta calidad con el ahorro del tiempo y esfuerzos empleados en los procedimientos citológicos, microscópicos y fotográficos usuales.

El sistema fue diseñado en función de automatizar los procesos de detección y cariotipaje de cromosomas, no obstante se permite una amplia interacción con el investigador debido a que por la naturaleza de los objetos biológicos no es posible una completa automatización en la identificación de todos los cromosomas, además de que en el caso específico de los cromosomas, sus formas no son nunca

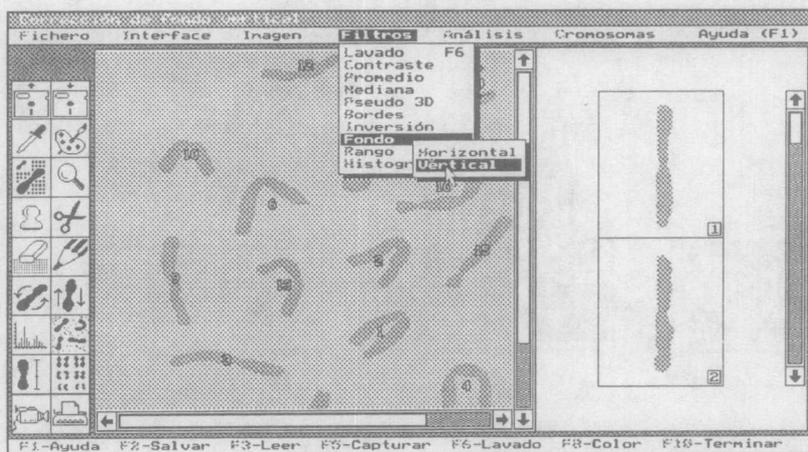


Figura 2. Vista general de la pantalla de trabajo

idénticas ni siquiera en homólogos dentro de una misma célula y a que la experiencia y conocimientos del investigador resultan indispensables para el logro del resultado definitivo.

Aunque no fue el objetivo, por los algoritmos desarrollados y el número variable de cromosomas considerado (200 cromosomas como máximo), el análisis no se limita a ningún material particular por lo que puede ser empleado en el análisis de cromosomas de plantas, animales y humanos.

El sistema no necesita para su explotación que el personal posea conocimientos especiales de computación pues cuenta con un sistema interactivo de ayuda con amplias posibilidades, así como con un detallado Manual de Usuario.

El sistema permite el tamizaje de mutantes vegetales mediante el cariotipaje, así como sirve de base para la determinación de aberraciones cromosómicas y para la automatización de experimentos en radiomutagénesis como la citofluorometría, el mapeo de genes, la secuenciación y otros.

En este sentido se prevé la inclusión de nuevas opciones en el sistema, pero adaptadas a las características del o los cultivos con que se va a trabajar debido a que algunos de los tratamientos dependen específicamente del cultivo de interés.

## Bibliografía

- [1] Andrews, H.C., Tescher, A.G. y Kruger, R.P. [1972]. "Image Processing by Digital Computer". *IEEE Spectrum*, Vol. 9, No.7, pp. 20-32.
- [2] Software Package; "Image C-Chromo: Users' Guide". *VEB Robotron-Vertrieb*, Berlín. [1989].
- [3] Fukui, K. [1988]. "Analysis and utility of chromosome information by using the chromosome image analyzing system, CHIAS". *Bull. Natl. Inst. Agrobiol. Resour.*, No. 4, pp. 153-177.
- [4] Iijima, K. y Fukui, K. [1991]. "Clarification of the conditions for the image analysis of plant chromosomes". *Bull. Natl. Inst. Agrobiol. Resour.*, No. 6.
- [5] Ryman, A. [1990]. "Personal system image application architecture: Lessons learned from de ImageEdit program". *Systems Journal*, Vol. 29, No. 3.