

Recuperación de fase para la obtención de un modelo 3D de células SARS-CoV-2 a partir de imágenes de bioluminiscencia en vivo

J. Arriaga Hernández¹, B. Cuevas Otahola^{2,3}, J. Oliveros Oliveros¹, M. Morin Castillo² and Y. Martínez Laguna⁴

Facultad de Ciencias Físico Matemáticas-BUAP¹; Facultad de Ciencias de la Electrónica-BUAP²; Instituto de Ciencias (ICUAP)-BUAP⁴; Benemérita Universidad Autónoma de Puebla (BUAP), 72000 CU, Puebla centro, Puebla, México.

Instituto de Radioastronomía y Astrofísica-Universidad Nacional Autónoma de México (UNAM)³, 58089 Morelia, Michoacán, México.

jesus.arriagahernandez@viep.com.mx



Presentamos una propuesta de análisis y recuperación de datos en imágenes médicas obtenidas por un estudio y análisis de bioluminiscencia en Vivo (BLI- Bioluminescence in vivo por sus siglas en inglés) en tejido infectado (cultivado) con células de SARS-CoV-2 en roedores. Para esto aplicamos y modificamos las técnicas de visión computacional y recuperación de fase con la finalidad de obtener en cada elemento del estudio BLI, imágenes de tejido cerebral en ratones a partir de imágenes tomográficas.

I. Introducción

La tomografía por resonancia electromagnética nos permite observar y/o realizar un barrido sobre el tejido de interés. Dicho barrido incluye elementos, como las células de cultivo y demás anomalías parasitarias del organismo, los cuales también serían visibles, permitiendo el estudio de dichas células por capas, según sea la precisión del barrido. En el presente trabajo, proponemos un análisis numérico de recuperación de fase por cada frame o nivel en la tomografía, donde se aprecien células de SARS-CoV-2, con la finalidad de incluir la información contenida en cada frame para integrarlo numéricamente en los datos más probables, con información de la célula, obteniendo finalmente, una matriz 3D de la célula de SARS-CoV-2 que, posteriormente, mediante técnicas de modelado computacional 3D se construya o genere un objeto 3D fiel a los datos de recuperación de la célula de SARS-CoV-2.

II. Resultados

Para obtener nuestros resultados, mediante la integración de datos 3D, extraemos 4 fotogramas diferentes de la Visualización 1 (Video S2 [6]), cerca de 32 segundos. Posteriormente, segmentamos la imagen en el marco superior derecho y seleccionamos de ella las células SARS-CoV-2 para su análisis. Realizamos un procedimiento de segmentación posterior y más afinado en cuanto a alturas de intensidad (con las células SARS-CoV-2 en tonos más oscuros) y posteriormente en tonos de gris [0,255], para obtener la información de dichas células únicamente [Fig. 1 (a)-(d)], similar a una transparencia sólo con tonos de gris diferentes de 0 y 255 [Fig. 1 (e)-(g)].

Destacamos que la resolución del objeto 3D reconstruido depende de los cuadros y la calidad del video. Obtuvimos los resultados que se muestran en la Fig. 1 (e)-(g) para dos células SARS-CoV-2, identificadas en la Fig. 1 (a)-(d).

En la Fig. 1 (a), mostramos la selección de cuadros y su ubicación en la matriz 3D, mostrada por capas o datos niveles. Por medio de nuestra numeración propuesta, obtenemos un marco teórico intermedio entre dos marcos experimentales adyacentes y disjuntos hasta alcanzar el tamaño de la matriz 3D deseada [M(512x512x512)]. Posteriormente, integramos los datos para obtener el objeto o curvas de nivel del objeto según la matriz 3D en la Fig. 1 (e)-(g). Sin embargo, debemos tener en cuenta en todo momento, que las isofotas de cada nivel se pueden obtener aumentando o potenciando el estudio de la célula en sus regiones internas, reconociendo los patrones no visibles en la tomografía.

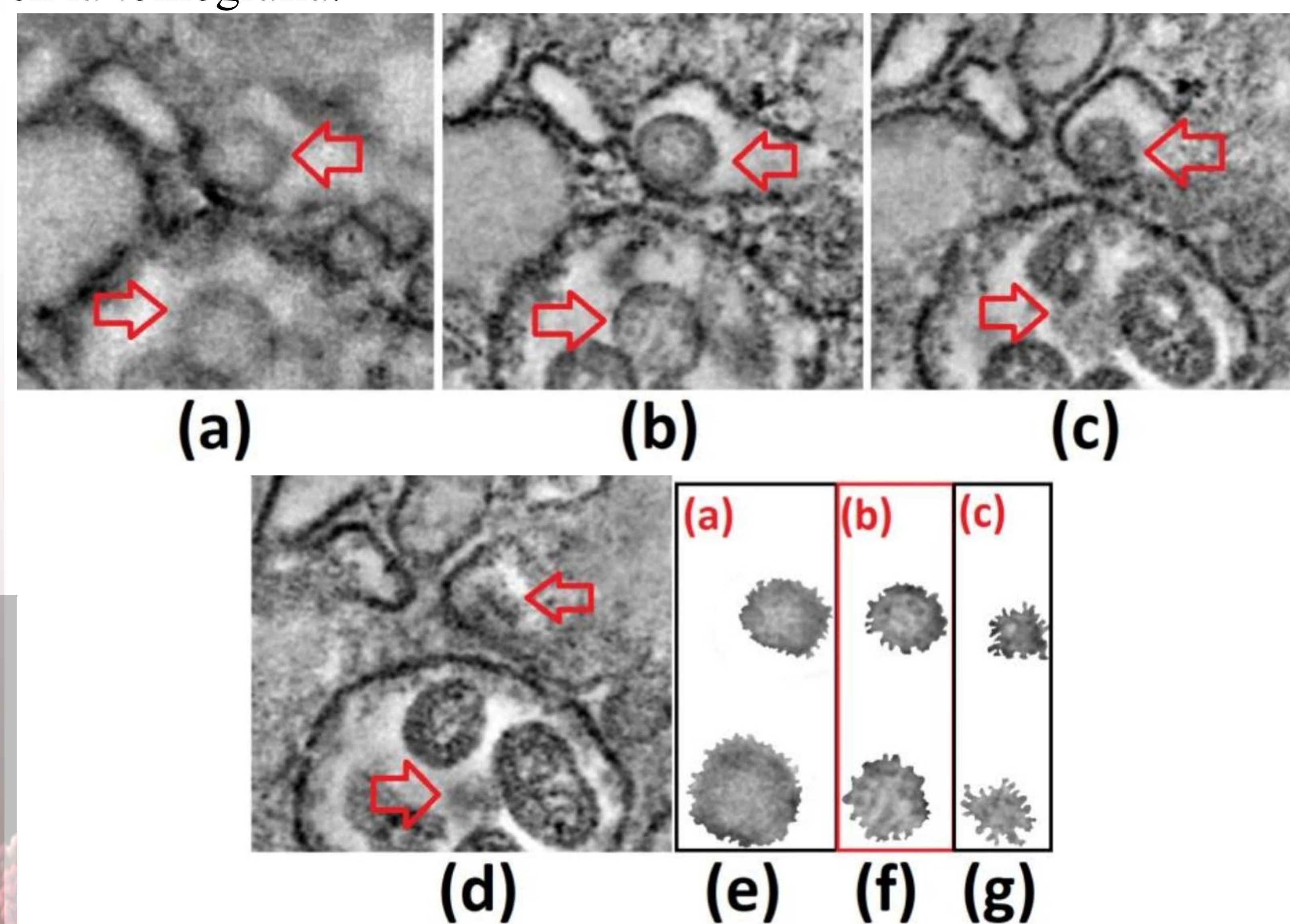


Figura. 1. Mostramos 4 capturas o cuadros de la Visualización 1 [6] alrededor de $t=32$ seg (a)-(d), y la segmentación para el mapeo en tonos de gris de la célula SARS-CoV-2.

REFERENCIAS

1. D. Malacara, Optical shop testing (John Wiley, 2007).
2. S. Zang, Handbook of 3D Machine Vision: Optical Metrology and Imaging (CRC Press, 2013).
3. A. Jaramillo-Núñez, J. Arriaga-Hernández, B. Cuevas-Otahola, M. Pérez-Meza, and B. Sánchez-Rinza, "Diagnostic Software proposal for bone scan follow-up using false color based on the gammagrams analysis from gray tone histograms," Biomed. Phys. Eng. Express 7, 035002:1-11 (2021).
4. J. Arriaga-Hernández, B. Cuevas-Otahola, J. Oliveros-Oliveros, and M. Morin-Castillo, "Geometric aberrations in the 3d profile of microparticles observed in optical trapping using 2d legendre polynomials," Optik 249, 168123 (2022).
5. K. A. O'Donnell, "Effects of finite stylus width in surface contact profilometry," Appl. Opt. 32, 4922-4928 (1993).
6. I. Ullah, J. Prevost, M. S. Ladinsky, H. Stone, M. Lu, S. P. Anand, G. Beaudoin-Bussi, K. Symmes, M. Benlarbi, S. Ding, R. Gasser, C. Fink, Y. Chen, A. Tausin, G. Goyette, C. Bourassa, H. Medjahed, M. Mack, K. Chung, C. B. Wilen, G. A. Dekaban, J. D. Dikeakos, E. A. Bruce, D. E. Kaufmann, L. Stamatatos, A. T. McGuire, J. Richard, M. Pazgier, P. J. Bjorkman, W. Mothes, A. Finzi, P. Kumar, and P. D. Uchil, "Live imaging of sars-cov-2 infection in Mice reveals that neutralizing antibodies require fc function for optimal efficacy," Immunity 54, 2143-2158.e15 (2021).

Zoom Meeting Link

<https://cuaieed-unam.zoom.us/j/82655103853>