



**HAL**  
open science

# Détection de signaux émis par des protéines lors d'une expérience de localisation de particules uniques

Théo Moins

► **To cite this version:**

Théo Moins. Détection de signaux émis par des protéines lors d'une expérience de localisation de particules uniques. Statistiques [stat]. 2017. hal-02970036

**HAL Id: hal-02970036**

**<https://hal.inria.fr/hal-02970036>**

Submitted on 11 May 2021

**HAL** is a multi-disciplinary open access archive for the deposit and dissemination of scientific research documents, whether they are published or not. The documents may come from teaching and research institutions in France or abroad, or from public or private research centers.

L'archive ouverte pluridisciplinaire **HAL**, est destinée au dépôt et à la diffusion de documents scientifiques de niveau recherche, publiés ou non, émanant des établissements d'enseignement et de recherche français ou étrangers, des laboratoires publics ou privés.

# Détection de signaux émis par des protéines lors d'une expérience de localisation de particules uniques

Théo Moins, sous la direction de Florence Forbes

Inria Grenoble Rhône-Alpes, Team Statify

**Résumé.** Ce document résume un processus de détection et d'analyse de signaux émis par des protéines, à partir d'une acquisition vidéo effectuée lors d'une observation microscopique de type 'SMLM' (*Single Molecular Localization Method*).

## 1 Position du problème

### 1.1 Problématique biologique

La protéine Tau est une protéine présente dans le cerveau et dont le dysfonctionnement provoque de nombreuses pathologies dont l'une d'entre elles est la maladie d'Alzheimer. Appartenant à la famille des protéines MAPs, son rôle est de contrôler l'architecture et la stabilité des réseaux de microtubules, qui permettent le bon fonctionnement des neurones.

Pour étudier la façon dont Tau contrôle la dynamique des microtubules, une approche développée par Isabelle Arnal (GIN) est de reconstituer *in vitro* des réseaux de microtubules dynamiques en présence de Tau, et de les observer en temps réel par microscopie [1]. Depuis peu, l'équipe parvient à observer la protéine Tau fluorescente en interaction avec les microtubules à l'échelle de la molécule unique, dans des expériences dites de calibration. Ainsi, des protéines Tau couplées à un fluorophore (ici la sfGFP) sont déposés sur une lame de microscopie, et sont ensuite irradiées en continue de façon à éteindre la fluorescence.

L'objectif ici est donc de traiter ces données issues de ces enregistrements. En théorie, en suivant cette extinction au cours du temps, le profil de l'intensité des molécules au cours du temps est une fonction en escalier décroissante, et l'on cherche à faire deux estimations :

1. Le nombre de segments de chaque signal, afin de connaître le nombre de protéines au sein d'un spot lumineux et en déduire la proportion monomère/dimère de l'échantillon.
2. La hauteur de marche (qui doit être identique pour chaque signal), afin d'en déduire l'intensité de fluorescence d'une protéine Tau unique.

Cependant, cette analyse peut s'avérer très complexe à réaliser car le signal est fortement bruité.

## 1.2 Modélisation



**Fig. 1.** Première image d'une acquisition d'une expérience de calibration. Les points lumineux sont les protéines couplées avec leurs fluorophores, et vont progressivement s'éteindre au cours du temps.

L'analyse se divise en deux temps :

1. Détection des protéines sur les premières frames de la vidéo
2. Étude de l'intensité lumineuse de chaque protéine au cours du temps.

La première partie va être effectuée sur **ImageJ**, un logiciel permettant l'analyse et le traitement de vidéos. Étant *open-source*, il offre la possibilité d'ajouter des plugins, mais aussi d'écrire des macros afin d'étendre ses fonctionnalités. Ainsi, parmi les *plugins* disponible pour **ImageJ**, **THUNDERSTORM** [2] est spécialement conçu pour la détection et l'analyse de particules observées à partir d'une méthode *SMLM* (c'est-à-dire molécule unique). Nous utiliserons ce plugin afin de détecter des protéines sur une vidéo et exporter les intensités lumineuses en fonction du temps.

La seconde partie de l'analyse s'effectue sur **Rstudio**. Le traitement effectué sur les données se divise en plusieurs étapes :

1. On procède au calcul des marches pour chaque signal acquis sur la partie précédente (deux méthodes vont être utilisées ici)
2. Ensuite, on supprime les signaux non exploitables.

3. Parmi les signaux restant, on calcule chaque hauteur de marche.
4. On détermine ensuite les signaux 'incertains', c'est-à-dire qui donnent des résultats qui peuvent paraître aberrants.
5. On estime la hauteur moyenne des marches, la proportion de signaux avec une marche, et la proportion avec deux marches.

## 2 Détection des protéines : utilisation du plugin THUNDERSTORM du logiciel *ImageJ*

On détaille ici les différentes étapes effectués pour la détection de points sur la vidéo, et automatisées dans une macro.

### 2.1 Configuration de la caméra

La configuration de la caméra choisie est la suivante :

Pixel size [nm]	267.0
Photoelectrons per A/D count	3.6
Base level [A/D counts]	414.0

Ces paramètres (ainsi que tout les suivants) peuvent être changés dans la macro.

### 2.2 Méthode de détection de points utilisés

Pour détecter les points blancs sur chaque *frame* de la vidéo, THUNDERSTORM procède en 3 étapes :

1. Filtrage de l'image : Avant de seuiller l'intensité de chaque pixel, un filtrage est effectué afin de 'lisser' l'image et prendre en compte le voisinage de chaque pixels pour la détection. Parmi l'ensemble des filtres disponibles c'est le *Wavelet Filter* que nous utilisons.
2. Détection 'approximative' de chaque molécule : détection des maxima locaux sur l'image filtrée, par une méthode de seuillage
3. Localisation précise des molécules : en revenant sur l'image initiale, on utilise une méthode de *fit* par maximum de vraisemblance d'une fonction d'étalement de point (PSF Gaussienne) en recherchant des points trouvés approximativement à l'étape précédente.

L'ensemble de cette configuration et des paramètres associés (seuillage, etc.) a été suggéré par Izeddin et al. [3].

### 2.3 Traitement après la détection

Après la détection des points sur chaque frame de la vidéo, on procède ensuite au traitement suivant :

- On ne considère que les points détectés lors des premières *frames* de la vidéo.
- Parmi les valeurs retournées par THUNDERSTORM, certaines peuvent nous permettre de détecter des faux positifs : ainsi, on retire les points qui ont une valeur de  $\sigma$  trop élevé, ce qui correspond très grand diamètre (et donc souvent due à une mauvaise détection).
- On retire également les points pour lequel la valeur *offset* est trop faible, ce qui correspond à une estimation de l'intensité du bruit de fond quasi nulle autour du point, ce qui est également signe d'une mauvaise détection.
- Fusion des points : sur les *frames* que l'on conserve pour détecter nos points, si l'on détecte un point sur chaque *frame* avec des coordonnées quasi-identiques, ces points seront fusionnés dans le tableau des résultats.

Les constantes associées à chacun des filtres ont été fixées empiriquement, et peuvent être modifiées dans une boîte de dialogue qui s'affiche pendant l'exécution de la macro.

### 2.4 Sélection des ROI (*Region Of Interest*)

De la feuille de résultat obtenue, on extrait les coordonnées de chaque point, ainsi que la valeur de  $\sigma$ . Pour chaque point, on crée une région d'intérêt qui est un disque centré sur les coordonnées détectées, et de rayon  $\sigma$ .

Ensuite, le niveau de gris est calculé en faisant la moyenne sur chacun des disques, et ce pour chaque *frame*.

Le tableau de résultat est ensuite exporté en csv. Ce fichier contient en colonne les moyennes de gris de chaque point en fonction du temps.

### 2.5 Génération de deux images d'illustration

En plus du fichier contenant les résultats, on récupère la première *frame* de la vidéo afin de l'afficher et de pouvoir faire le lien entre les signaux et la vidéo. La première image récupérée n'est qu'une capture de la première *frame* (voir Fig.1), la deuxième également mais les points détectés sont entourés en jaune, et où figurent les labels correspondant à la numérotation de chaque protéine dans le fichier csv (voir Fig.2, les labels sont peu lisibles ici car l'image est rétrécie).

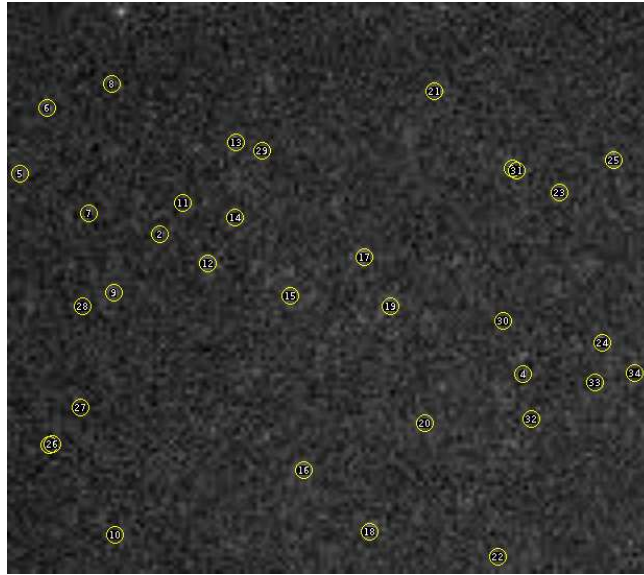


Fig. 2. Deuxième image exportée avec les résultats

### 3 Détection des marches dans les signaux : utilisation du package de R `Segmentor3IsBack` [4]

#### 3.1 Calcul des marches

Pour chaque signal, on effectue la segmentation, puis on stocke le résultat dans 3 tableaux, référençant le nombre de marches, la hauteur de chaque palier, et l'abscisse où a lieu chaque marche.

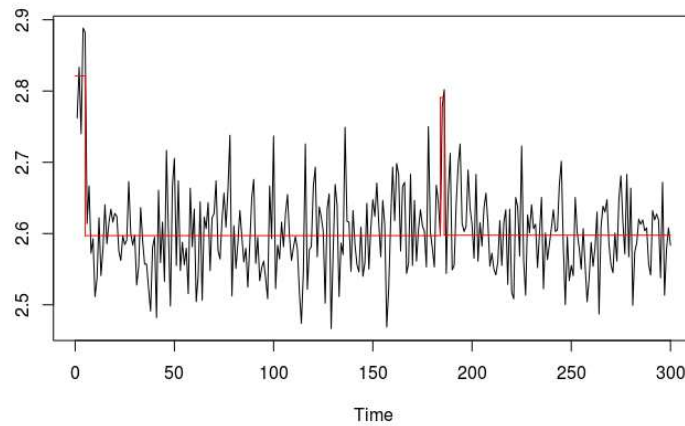
Pour le calcul de la segmentation, le package `Segmentor3IsBack` nous propose plusieurs possibilités :

- Le choix de la distribution des données : ici, 3 possibilités sont des candidats potentiels. Nous pouvons choisir une loi Gaussienne avec variance constante, une loi de Poisson, ou une loi binomiale négative. Nous avons pu observer des résultats similaires sur les modèles Gaussien et de Poisson, et meilleurs que ceux avec la loi binomiale négative. **Le modèle que nous avons choisi par défaut est le Gaussien.**
- Le choix du nombre maximal de marche : pour utiliser `Segmentor3IsBack`, il est nécessaire d'indiquer de combien de segments est composé au maximum un signal. Cet argument semble être clé dans la bonne détection des marches, car même si nous savons que nous souhaitons toujours moins de 3 segments, indiquer une valeur de 3 ne donne pas forcément les meilleurs résultats. Une première méthode a été donc de fixer une plus grande

valeur, puis de fusionner des segments lorsqu'ils sont proches. **Actuellement, nous avons choisi de considérer jusqu'à 10 marches dans un signal, puis de fusionner deux marches très proches.**

- Fusion de deux segments proches : le critère pour fusionner deux segments est le suivant : **si la différence de deux hauteurs de marche consécutives est inférieure à  $\frac{i_{max}-i_{min}}{8}$  (choix empirique), avec  $i_{max}$  et  $i_{min}$  le maximum et minimum d'intensité du signal, alors le tout est remplacé par un seul et unique segment.**

### 3.2 Suppression des signaux mal analysés



**Fig. 3.** Exemple d'une courbe exploitable mais pour laquelle la détection d'une fausse marche due au bruit élimine la protéine associée

Le modèle physique nous assure que chaque signal n'a qu'entre une et deux marches, et les hauteurs de marche sont 'décroissantes', c'est à dire que le pallier avant la marche est toujours supérieur à celui d'après. Or, ces critères ne sont pas imposés lors du calcul des marches, par conséquent nous les utilisons pour trier les faux positifs de la partie précédente. Il peut aussi arriver qu'un signal qui était analysable ne vérifie pas ces critères. Ces cas sont problématiques et nous cherchons à les éliminer (voir Fig.3).

## 4 Amélioration de la détection : apprentissage de la pénalité pour le nombre de marches avec le package `penaltyLearning` [6]

Parmi les signaux dont l'analyse est erronée, deux types d'erreurs se distinguent :

1. Le nombre de marches n'est pas celui attendu.
2. Le nombre de marches est le bon mais les marches sont mal positionnées par rapport au signal.

Au vue des résultats obtenus avec l'analyse des signaux avec le package `Segmentor3IsBack`, nous constatons que la majorité des erreurs proviennent de la deuxième étape, c'est-à-dire une mauvaise estimation du nombre de marches.

Détaillons le fonctionnement du calcul fait par `Segmentor3IsBack` pour comprendre le problème. Notons :

- $(y_t)_{1 \leq t \leq n}$  le signal observé, réalisations de  $n$  variables aléatoires  $(Y_t)_{1 \leq t \leq n}$ ,
- $K$  le nombre de segments,
- $(t_1, \dots, t_{K-1})$  les instants de rupture.

Pour notre problème nous avons supposé que

$$Y_t \sim \mathcal{N}(\mu_k, \sigma), \text{ avec } t_{k-1} \leq t \leq t_k \text{ et } 1 \leq k \leq K - 1$$

Ainsi, la recherche de la meilleur segmentation se fait en deux temps :

1. Calcul de la vraisemblance  $\hat{y}_t^k = \underset{u \in \mathcal{M}_k}{\operatorname{argmin}} \{ \|y_t - u\|_2^2 \}$ , avec  $\mathcal{M}_k$  l'ensemble des partitions de  $\{1, \dots, n\}$  en  $k$  éléments,  $\forall k$  de 1 à  $K$ ,
2. Sélection du nombre de segments  $\hat{k}$ .

Il est clair que si l'on choisit  $\hat{k} = \underset{1 \leq k \leq K}{\operatorname{argmin}} \{ \|y_t - \hat{y}_t^k\|_2^2 \}$ , le fait d'ajouter un paramètre à notre modèle va toujours permettre de réduire la vraisemblance (intuitivement, un segment supplémentaire même de taille 1 permet forcément un meilleur *fit* des données) et donc on prendrait toujours la valeur maximale  $K$ . C'est pourquoi l'on introduit une fonction appelé *pénalité*, que l'on ajoute à la vraisemblance et qui pénalise un modèle selon différents critères. On obtient comme forme générale :

$$\hat{k} = \underset{1 \leq k \leq K}{\operatorname{argmin}} \{ \|y_t - \hat{y}_t^k\|_2^2 + f(\hat{y}_t^k, n) \}$$

Il existe dans la littérature beaucoup de pénalités différentes, les plus connues étant les critères AIC ( $f(\hat{y}_t^k, n) = 2k$ ) et BIC ( $f(\hat{y}_t^k, n) = 2k \ln(n)$ ), qui pénalisent le modèle selon son nombre de paramètres. D'autres pénalités existent pour le



problème de segmentation, faisant par exemple intervenir la taille de chaque segments, etc. Ici, le package `Segmentor3IsBack` utilise une pénalité proposé par Lebarbier [8] :

$$f(\hat{y}_t^k, n) = k(2\ln(n/k) + 5)$$

Cette pénalité a principalement été mise au point et essayée sur des données génomiques de type "RNA-seq". Les données que nous traitons ont des propriétés différentes : les hauteurs de segments sont décroissantes, il n'y en a pas plus de 3, survenant souvent très tôt dans le temps, etc.

C'est pourquoi une idée proposé par Hocking et al. [7] est de fournir la pénalité en se basant sur des signaux pour lesquels on a annoté le nombre de segments attendus. Par la suite, on cherche une fonction de la forme  $f(\hat{y}_t^k, n) = k\lambda$ ,  $\lambda > 0$ .

Pour ce faire, les étapes sont les suivantes :

1. Pour chaque signal annotés, calcul du modèle à  $k$  segments pour toutes les valeurs de  $k$  possibles, en utilisant `Segmentor3IsBack`.
2. Pour chaque modèle de chaque signal, calcul du nombre d'erreurs effectués par rapport aux prédictions (l'objectif de cet algorithme étant de minimiser ce nombre d'erreurs).
3. Calcul des intervalles de  $\lambda$  correspondant au choix de chaque modèle. Pour ce faire, on calcul la vraisemblance  $\mathcal{L}_k = \|y_t - \hat{y}_t^k\|_2^2$  de chaque modèle, puis on observe pour quel  $\lambda$  a-t-on  $\operatorname{argmin}_k \{\mathcal{L}_k + k\lambda\} = 1, 2, \dots, K$ .

On obtient ainsi  $K$  intervalles de  $\lambda$  disjoints et dont l'union vaut  $\mathbb{R}^+$ . En notant  $([\lambda_i; \lambda_{i+1}[)_{0 \leq i \leq K}$ , avec  $\lambda_0 = 0$  et  $\lambda_K = +\infty$ , on a

$$[\lambda_i; \lambda_{i+1}[ = \left\{ \lambda \in \mathbb{R}^+; \operatorname{argmin}_k \{\mathcal{L}_k + k\lambda\} = i \right\}$$

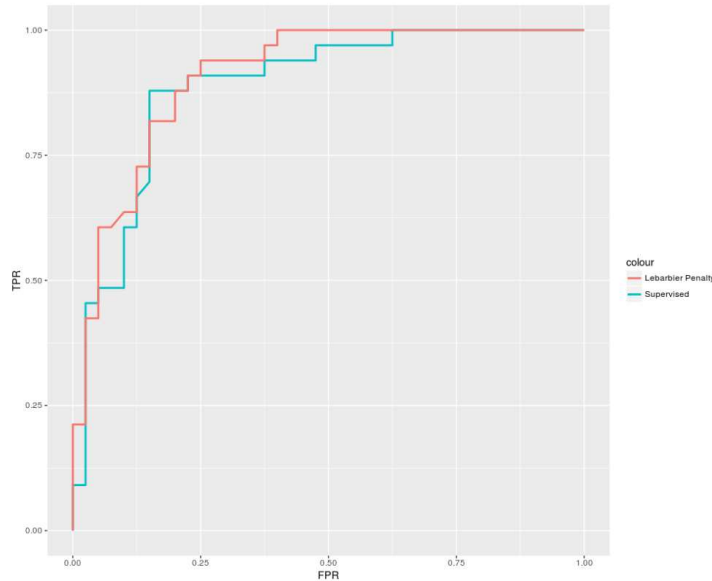
4. Avec les annotations des signaux, on en déduit pour chaque courbe l'intervalle de  $\lambda$  pour lequel l'erreur est minimisée (pour chaque signal).
5. Choix d'une (ou plusieurs) caractéristique  $x_i$  commune à chaque signal  $i$  afin d'établir la régression. Celle-ci n'est pas faite sur  $\lambda$  mais sur  $\ln(\lambda)$  (afin de la faire sur  $\mathbb{R}$  entier) :  $\ln(\lambda) = f(x_i)$ . Par exemple, si l'on souhaite améliorer le critère BIC ( $\lambda = \ln(n)$ ), on choisi  $x_i = \ln(\ln(n_i))$ , et on remplace  $f(x_i) = x_i$ , qui est la pénalité classique, par  $f(x_i) = \beta x_i + w$ , avec  $(\beta, w)$  choisi de tel sorte à minimiser l'erreur sur les signaux annotés. Ici, on utilise la fonction `featureMatrix` de `penaltyLearning` qui permet de calculer 144 de caractéristiques (tel que la moyenne empirique, la somme, les quantiles, la racine de ces valeurs, etc), puis ne conserver que les plus pertinentes pour notre problème.
6. Calcul de la régression qui minimise le nombre d'erreurs faites sur les signaux.

Ce traitement va avoir pour effet de "lisser" la segmentation, et donc d'avoir bien moins de cas comme celui affiché Fig.3.

## 5 Synthèse des deux modèles et création d'un indice de confiance

### 5.1 Comparaison des deux modèles

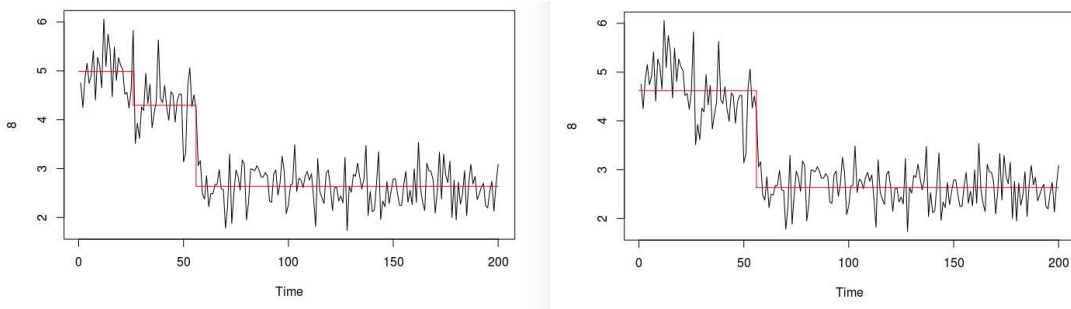
Afin de comparer le modèle utilisant la pénalité de Lebarbier avec celui utilisant une pénalité apprise avec le package `penaltyLearning`, nous avons considéré des vidéos sur laquelle nous avons déterminé le nombre d'erreurs effectuées lors de segmentation avec les deux modèles. Nous affichons le résultats sous la forme de courbe ROC (*Receiver Operating Characteristic*), qui permettent de visualiser efficacement la performance des deux modèles. Cette courbe donne le taux de vrais positifs (marches détectés qui le sont effectivement) en fonction du taux de faux positifs (marches détectés qui ne l'est pas), lorsque l'on fait varier  $\lambda$ . Ainsi, à  $(0,0)$ , le modèle ne détecte aucune marches, à  $(1,1)$ , le modèle détecte le nombre maximal de marches sur chaque courbe, et à  $(0,1)$ , le modèle est parfait.



**Fig. 4.** Un exemple de courbes ROC pour les deux modèles de pénalité

En affichant plusieurs de ces courbes (dont un exemple est donné Fig.4), nous observons qu'aucun de ces deux modèles ne se distingue en terme de performance. Cependant, même si l'on constate que les deux méthodes font souvent le même nombre d'erreurs, celles-ci peuvent être commises sur des signaux différents : par exemple, dans la vidéo analysée correspondant à la courbe ROC de la Fig.4, parmi les 33 points qui ont été détectés, on relève 12 erreurs pour le modèle utilisant la pénalité de Lebarbier, et 11 dans la pénalité apprise. Néanmoins, 7

erreurs sont communes aux deux modèles, et pour les autres, au moins l'un des deux modèles est correct. Un moyen d'amélioration est donc de sélectionner le meilleur modèle pour chacun des signaux.



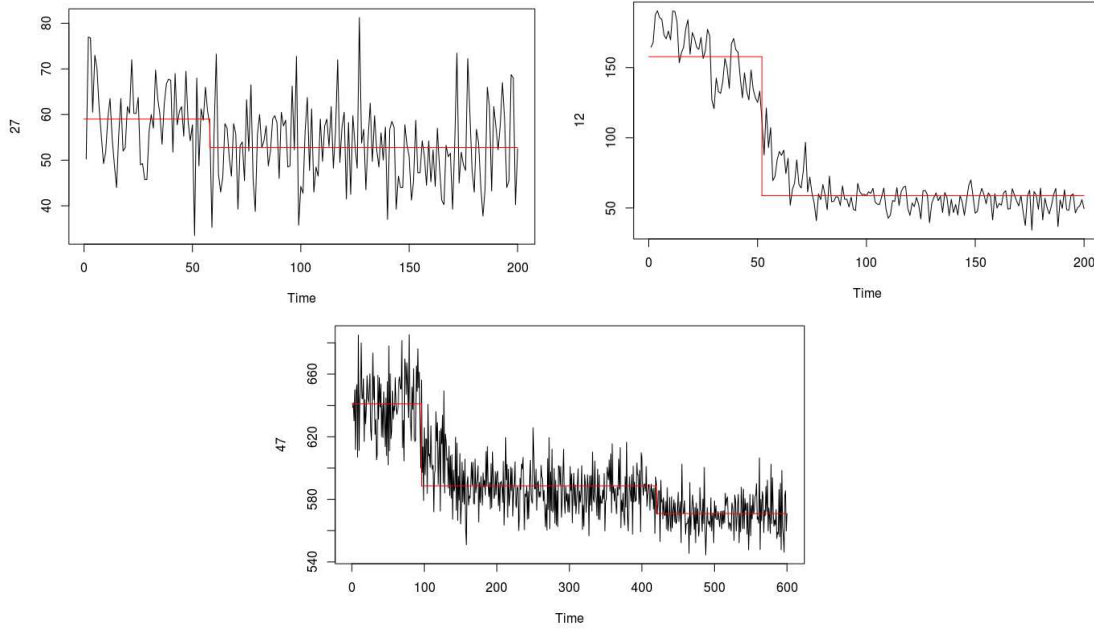
**Fig. 5.** Exemples de segmentations différentes selon le choix de la pénalité (à gauche, la pénalité de Lebarbier, et à droite celle apprise avec `penaltyLearning`)

## 5.2 Création d'un indice de confiance

Afin de pouvoir choisir lorsque deux modèles de segmentation donnent des résultats différents et afin de repérer les signaux incertains, il est intéressant de créer un indice de confiance  $p_i$ , compris entre 0 et 1, et qui permettrait de mesurer la qualité de la segmentation. Ainsi,  $p_i$  proche de 0 signifierait une segmentation très douteuse pour le signal  $i$ , tandis que  $p_i$  proche de 1 signifierait que l'on peut se fier aux calculs qui ont été établis.

Pour ce faire, nous allons prendre en compte 3 critères :

1. La taille des marches calculée : si la marche trouvée n'est pas plus grande que la variance globale du signal, cela signifie très probablement qu'elle est artificielle et que l'on ne peut pas s'y fier.
2. Le *fit* aux données : si l'on ne considérait que le critère précédent, alors l'on préférerait toujours les signaux avec le moins de marches (car elles sont plus grandes). C'est pourquoi on contre-balance en prenant en compte la vraisemblance du modèle aux données, ce qui peut se faire en comparant les pertes de chaque signal afin d'en sortir les moins fiables. Cela permet également de repérer les signaux non analysables, qui ne présentent pas de réelles chutes d'intensité.
3. Enfin, au vue de notre contexte biologique, il est assez rare qu'une marche apparaisse à la fin de l'acquisition, et la détection de marches à la fin du signal est souvent une erreur, ce que l'on peut également prendre en compte ici.



**Fig. 6.** Exemples de graphes incertains, détectables avec les 3 critères cités : rapport hauteur de marche sur bruit pour le 1<sup>er</sup>, valeur de la fonction de perte pour le 2<sup>e</sup>, et marche qui apparaît à la fin pour le 3<sup>e</sup>

Pour ces trois critères, nous créons trois indices  $p_{i,1}$ ,  $p_{i,2}$  et  $p_{i,3}$ , et  $p_i$  sera la moyenne géométrique de ces trois critères :

$$p_i = p_{i,1}^{\alpha_1} p_{i,2}^{\alpha_2} p_{i,3}^{\alpha_3}, \text{ avec } \alpha_1 + \alpha_2 + \alpha_3 = 1$$

On utilise une moyenne géométrique et non arithmétique car on souhaite que  $p_i$  soit proche de 0 même si un seul des  $p_{i,j}$  est proche de 0 et les autres proches de 1.

### Calcul de l'indice $p_{i,1}$ pour le critère 1 :

Pour chaque signal  $i$ , on souhaite comparer la/les hauteurs de marches détectées  $h_{i,1}$  (et  $h_{i,2}$  quand il y en a 2) à la variance du signal  $\sigma$ . Si une hauteur  $h$  mesurée est inférieure à  $\sigma$ , il est probable que l'on est face à un faux positif.

On choisit alors de caractériser la condition suivante :

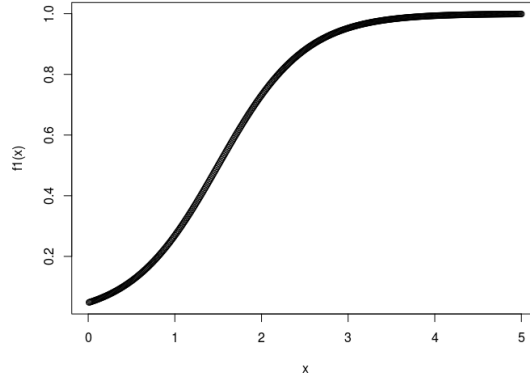
- Si le signal a une marche, alors nous ne pouvons pas avoir de doutes en considérant la taille de la marche si  $h > 2\sigma$

- Si le signal a deux marches, alors nous ne pouvons pas avoir de doutes en considérant les tailles des deux marches si  $h_1 > \sigma$  et  $h_2 > \sigma$

On considère ainsi la fonction de densité suivante :

$$f_1 : \mathbb{R}^+ \rightarrow [0; 1]$$

$$x \mapsto \frac{1}{2} \left( 1 + \operatorname{th} \left( x - \frac{3}{2} \right) \right)$$



**Fig. 7.** Graphe de la fonction  $f_1$

$$\text{Et on choisit } p_{i,1} = \begin{cases} f_1\left(\frac{h_{i,1}}{\sigma}\right) & \text{si } h_{i,2} = 0 \\ \sqrt{f_1\left(2\frac{h_{i,1}}{\sigma}\right) f_1\left(2\frac{h_{i,2}}{\sigma}\right)} & \text{sinon} \end{cases}$$

### Calcul de l'indice $p_{i,2}$ pour le critère 2 :

Pour ce critère, on souhaite prendre en compte les valeurs des pertes  $\mathcal{L}_i = \|y_i - \hat{y}_i\|_2^2$ , mais contrairement au critère précédent, nous ne disposons pas de valeurs de référence pour établir une comparaison, nous comparons simplement les valeurs entre elles. La solution intuitive est de traduire les valeurs  $\mathcal{L}_i$  dans  $[\beta; 1]$ , avec  $\beta$  l'indice que l'on souhaite donner au pire signal (c'est-à-dire avec le plus grand  $\mathcal{L}_i$ ).

On choisit donc

$$p_{i,2} = 1 - \alpha \frac{\mathcal{L}_i - \min_i \mathcal{L}_i}{\max_i \mathcal{L}_i - \min_i \mathcal{L}_i}$$

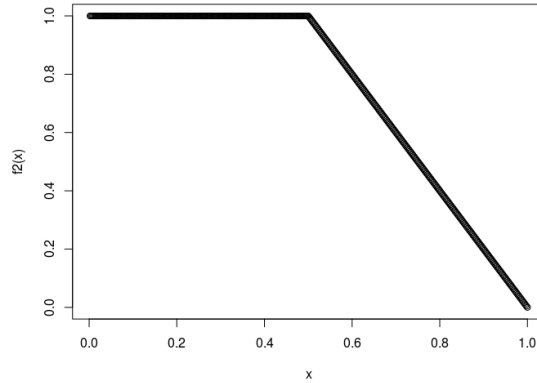
**Calcul de l'indice  $p_{i,3}$  pour le critère 3 :**

Pour le dernier critère, on considère le temps de la dernière rupture  $t_i$  pour chaque signal, et on considère la fonction :

$$f_2 : [0; 1] \rightarrow [0; 1]$$

$$x \mapsto 1 \quad \text{si } 0 \leq x \leq 0.5$$

$$x \mapsto 2 - 2x \quad \text{si } 0.5 \leq x \leq 1$$



**Fig. 8.** Graphe de la fonction  $f_2$

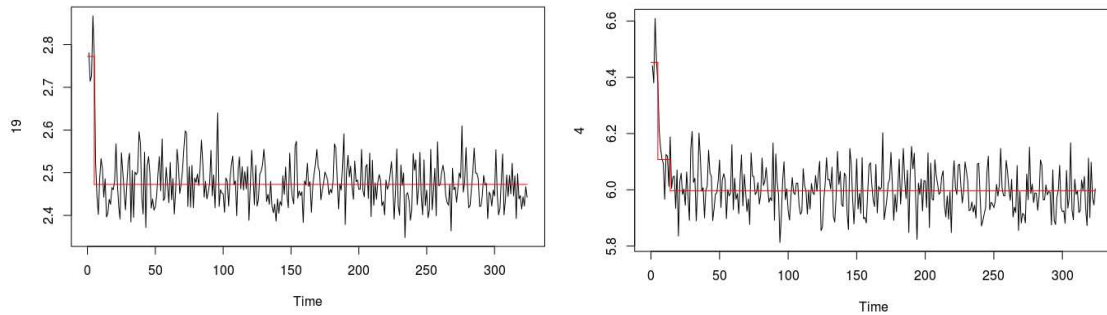
On applique cette fonction au rapport  $\frac{t_i}{n}$  pour obtenir  $p_{i,3}$ .

On en choisit ensuite  $(\alpha_1, \alpha_2, \alpha_3)$  (par exemple égale à  $(0.5, 0.2, 0.3)$ ), puis on en déduit la valeur de  $p_i$ . On effectue alors la segmentation de chaque signal avec les deux méthodes, puis lorsque les résultats diffèrent, on conserve le modèle avec le meilleur indice de confiance. On établit également un seuil de confiance  $p_{min}$ , pour lequel on considère que tout les signaux vérifiant  $p_i < p_{min}$  sont très probablement mal analysés.

Néanmoins, malgré le fait que  $p_i$  soit compris entre 0 et 1, considérer par exemple que  $p_i$  est la probabilité que l'analyse du signal soit correcte est complètement faux.

## 6 Estimation de la taille moyenne d'une marche

A cette étape, nous disposons de l'analyse temporelle de chaque protéine, avec le nombre de segments, leur taille, les hauteurs de marches, etc. Néanmoins, estimer le niveau d'oligomérisation ainsi que l'intensité moyenne d'une émission n'est pas immédiat. En effet, il se peut que deux émissions surviennent au même moment, et cela se traduit par une marche avec une taille doublée à la place deux marches normales, et à l'inverse il se peut que l'on trouve deux marches proches dans le temps avec l'algorithme précédent, mais dont il est clair à la vue de leur taille qu'il ne s'agit que d'une seule marche (voir Fig.9).



**Fig. 9.** À gauche, un exemple où une marche contient très probablement deux émissions au vu de sa taille. À droite, c'est l'inverse : deux marches ont été détectées mais il semblerait qu'il n'y en a en vérité qu'une seule.

### 6.1 Modélisation du problème

**Objectif :** Calculer la proportion  $\pi \in [0; 1]$  de signaux à 2 marches (la proportion de signaux à une marche serait donc  $1-\pi$ ), ainsi que la valeur moyenne d'une marche  $m > 0$ .

On dispose de deux jeux de données,  $X^1 = \{x_1^1; \dots; x_n^1\}$  correspondant aux hauteurs de première marche des signaux, et  $X^2 = \{x_1^2; \dots; x_n^2\}$  les hauteurs de deuxième marche lorsqu'il y en a une, et 0 s'il le signal n'a qu'une marche.

Intuitivement,  $X^1$  doit comporter deux groupes de valeurs : celles autour de la valeur moyenne d'une marche  $m$  (la valeur qu'on souhaite calculer), et celles autour de  $2m$  (cas de deux marches simultanées). Si l'on considère l'ensemble  $X = \{x_1^1 + x_1^2; \dots; x_n^1 + x_n^2\} = \{x_1; \dots; x_n\}$ , nous aurons également ces deux groupes de valeurs, mais avec une proportion de  $(1 - \pi)$  pour le premier, et de  $\pi$  pour le second, ce qui correspond à la deuxième valeur que nous souhaitons estimer.

La distribution de notre échantillon est donc de la forme :

$$f(x) = (1 - \pi)f(x; m) + \pi f(x; 2m)$$

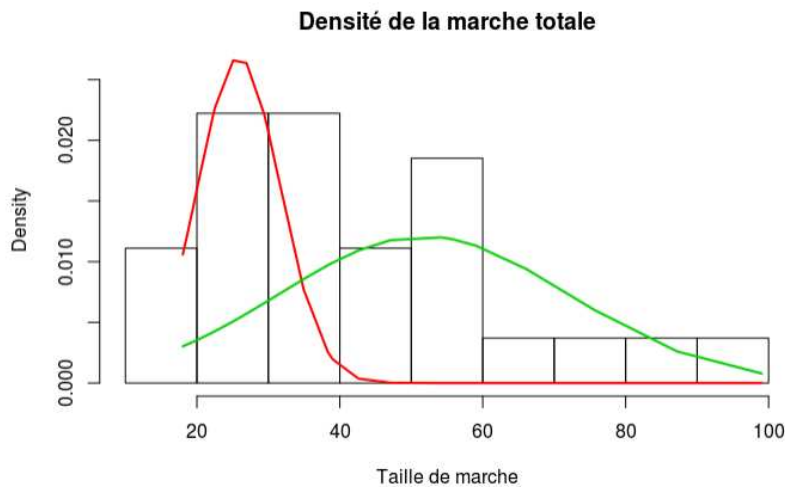
On suppose que que ces deux distributions sont gaussiennes, centrées sur  $m$  et  $2m$  :

$$f(x) = (1 - \pi)\mathcal{N}(x|m, \sigma_1) + \pi\mathcal{N}(x|2m, \sigma_2)$$

Il semble difficile de faire une supposition sur le lien entre les variances  $\sigma_1$  et  $\sigma_2$ , car certaines valeurs sont la somme de deux acquisitions, d'autres non, et de plus, pour des raisons expérimentales, l'acquisition d'une deuxième marche (qui arrive plus tard dans le temps) est moins précise que la première.

## 6.2 Application de l'algorithme EM

Notre modèle est donc un mélange Gaussien à deux composantes avec une contrainte sur les paramètres ( $m_2 = 2m_1$ ). Pour l'estimer, nous pouvons utiliser l'algorithme EM en indiquant la contrainte, ce qui est possible de faire avec la fonction `normalmixEM` du package `mixtools`. Nous obtenons ainsi toutes les valeurs souhaités (ici  $m$  et  $\pi$ )



**Fig. 10.** Exemple d'une densité trouvée à partir des valeurs de la taille des marches. On observe bel et bien une somme de deux gaussiennes, avec une moyenne 2 fois plus élevée pour la deuxième.



## 7 Tutoriel : Comment effectuer l'analyse d'une vidéo

### 7.1 Utilisation de la macro sur ImageJ

L'ensemble des opérations effectués sur **ImageJ** ont été rassemblées dans une macro nommée "**Taunique.ijm**" afin d'automatiser toutes les étapes de traitement.

Son fonctionnement est le suivant :

- Ouvrir ImageJ, puis ouvrir la vidéo que l'on souhaite traiter
- Ouvrir la macro sur *ImageJ*, puis la lancer en cliquant sur **Macros**, **Run Macro**
- Sélectionner le dossier de destination pour le résultat
- Une boîte de dialogue au milieu de l'exécution propose de modifier les constantes qui sont indiquées par défaut
- Attendre la fin d'exécution du programme

En sortie sera situé (dans le dossier choisi) un fichier **csv** contenant les valeurs des points détectés sur chaque *frame*, ainsi que deux images provenant de la vidéo qui permettent de faire le lien entre le numéro de la colonne du fichier contenant le résultat et la vidéo. **Attention** : le format du fichier de sortie est un csv avec des **virgules** pour séparateur.

	A	B	C	D	E	F	G	H	I	J	K	L	M	N
1	Label	Mean1	Mean2	Mean3	Mean4	Mean5	Mean6	Mean7	Mean8	Mean9	Mean10	Mean11	Mean12	Mean13
2	161213_40pM_L50_100msec_stream2.tif	2971.750	2894.750	2664.3106.500	2837.778	2968.250	2997.250	2940.250	2855.000	2974.500	2768.500	3306.250	2853.583	
3	161213_40pM_L50_100msec_stream2.tif	2897.250	2879.250	2961.2846.000	2762.556	2937.000	2763.750	2881.000	2744.000	2876.750	2604.750	2962.750	2788.917	
4	161213_40pM_L50_100msec_stream2.tif	3459.000	2845.500	2932.3004.000	2811.889	3042.250	2964.750	2879.000	2862.250	2718.000	2706.000	3291.500	2675.750	
5	161213_40pM_L50_100msec_stream2.tif	3108.250	2881.250	2665.3109.500	2764.889	2999.750	2992.500	2974.750	2861.500	2842.000	2634.750	3266.750	2740.583	
6	161213_40pM_L50_100msec_stream2.tif	3153.000	2897.500	2943.2945.250	2688.556	3124.750	2775.500	2930.250	2787.500	2810.250	2669.000	3294.250	2850.083	
7	161213_40pM_L50_100msec_stream2.tif	3282.000	3000.500	3206.3067.500	2692.222	3129.000	3001.750	2996.000	2924.500	2825.250	2812.500	3347.750	2923.833	
8	161213_40pM_L50_100msec_stream2.tif	3320.750	3016.250	3006.3063.250	2740.889	2984.000	2965.750	2958.250	2798.750	2888.250	2585.750	3350.500	2908.250	
9	161213_40pM_L50_100msec_stream2.tif	3192.500	2960.500	3083.2968.500	2690.889	3110.250	2896.250	2994.000	3038.000	2702.750	2552.250	3379.250	2856.083	
10	161213_40pM_L50_100msec_stream2.tif	2971.250	3036.750	2901.3063.500	2641.778	3077.250	2963.750	3052.000	2776.250	2818.250	2770.500	3507.500	2851.500	
11	161213_40pM_L50_100msec_stream2.tif	2927.750	2938.000	2776.2815.750	2739.111	3043.750	3054.750	3040.250	2981.000	2797.250	2683.750	3395.500	2903.500	
12	161213_40pM_L50_100msec_stream2.tif	3001.250	3071.000	3157.3055.500	2831.889	3149.000	3208.250	2885.250	2788.000	2940.750	2683.750	3346.750	2971.417	
13	161213_40pM_L50_100msec_stream2.tif	2960.500	3114.750	3184.2987.750	2814.778	2823.000	2943.750	3064.000	2911.000	2856.250	2762.000	3397.750	2917.667	
14	161213_40pM_L50_100msec_stream2.tif	2937.500	3080.750	3319.2832.750	2733.444	2995.500	3128.000	3010.500	2876.750	2743.250	2666.250	3393.250	2899.417	

**Fig. 11.** Extrait des premières colonnes du résultat attendu pour le fichier *results.csv*

Si jamais un message d'erreur intervient durant l'exécution de la macro ou durant la partie suivante, un moyen d'identifier le problème est de vérifier si le fichier "*results.csv*" a bel et bien été créé. Si ce n'est pas le cas, cela peut être due à un chemin particulièrement long, ou un problème dans l'analyse des données avec **THUNDERSTORM** (voir par exemple si les filtres et le merging ont bien été appliqués). Si le fichier a été créé et que le problème intervient dans la deuxième partie, on peut alors vérifier que le fichier csv contient une seule

colonne de label, et que l'ensemble des autres colonnes ne sont composées que de nombres.

## 7.2 Organisation des dossiers

Pour la partie sur R, l'ensemble des fichiers sont divisés dans 3 dossiers :

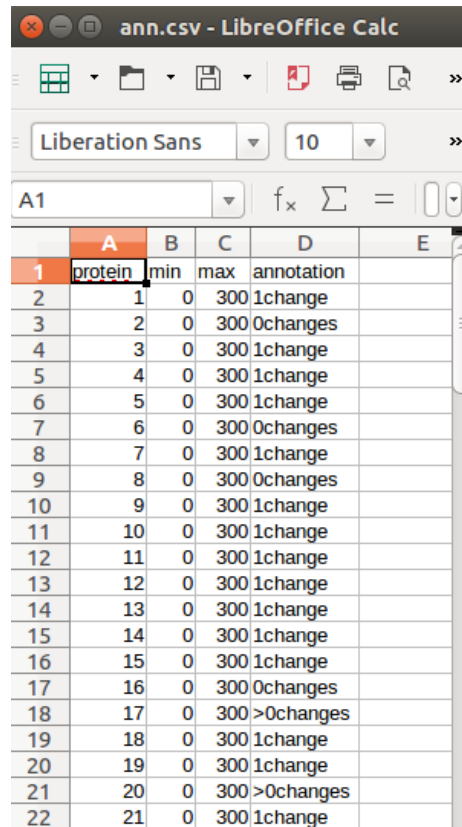
1. Le premier dossier `Code` comporte les fichiers `.R` et `.rmd` qui contiennent l'ensemble du code, ainsi que les pages html générés.
2. Le deuxième dossier `Fit` comporte le fichier `"data.csv"` avec les données qui servent pour l'entraînement du modèle avec `penaltyLearning`, ainsi que le fichier `"ann.csv"` avec les annotations correspondantes. Il contient également le modèle `"Training.rda"` généré à partir de ces données.
3. Enfin, le dernier dossier `results` est le dossier dans lequel doit se trouver le fichier de sortie `"results.csv"` provenant de la macro sur ImageJ, ainsi que les deux images générées par cette même macro.

## 7.3 Entraîner le modèle de `penaltyLearning` avec de nouvelles données

Pour générer un modèle avec `penaltyLearning` qui servira à prédire la pénalité d'un signal, plusieurs étapes sont nécessaires :

1. Collecter les données : la première étape est de récupérer les données temporelles des signaux que l'on souhaite annoter (cela peut se faire avec la macro sur ImageJ). Il faut ensuite placer le fichier résultant dans le dossier `fit`, et le renommer `"data.csv"`. Si l'on souhaite entraîner le modèle à partir de plusieurs vidéos, il suffit de copier-coller les colonnes supplémentaires au bout du fichier (comme si ce n'était qu'une vidéo mais avec plus de points)
2. Annoter les données : remplir un fichier csv que l'on nommera `"ann.csv"`, et qui contient 4 colonnes :
  - *protein*, qui est le numéro de chaque signal (il suffit de numéroté de 1 à  $N$ )
  - *min* et *max*, qui donne la "région" du signal dans laquelle on indique le nombre de segments observés. Par exemple, si un signal est composé de 200 points et que l'on observe une rupture à  $t = 30$ , on pourrait ajouter trois lignes, indiquant qu'entre 0 et 28 on n'observe aucune rupture, qu'entre 29 et 31, on en observe 1, puis 0 entre 32 et 200. Mais cette précision, en plus d'alourdir la tâche d'annotation à la main, ne semble pas donner de meilleurs résultats. Par conséquent, il est recommandé de ne mettre qu'une ligne par protéine, en mettant toujours 0 pour *min*, et la taille du signal pour *max*.

- *annotation*, qui indique le nombre de ruptures observées. Seules trois possibilités sont données : soit l'on indique qu'il n'y a aucune marche en indiquant **0changes**, soit on indique qu'il y en a exactement une en indiquant **1change**, soit on indique qu'il y en a une ou plus, en indiquant **>0changes**.



	A	B	C	D	E
1	protein	min	max	annotation	
2	1	0	300	1change	
3	2	0	300	0changes	
4	3	0	300	1change	
5	4	0	300	1change	
6	5	0	300	1change	
7	6	0	300	0changes	
8	7	0	300	1change	
9	8	0	300	0changes	
10	9	0	300	1change	
11	10	0	300	1change	
12	11	0	300	1change	
13	12	0	300	1change	
14	13	0	300	1change	
15	14	0	300	1change	
16	15	0	300	1change	
17	16	0	300	0changes	
18	17	0	300	>0changes	
19	18	0	300	1change	
20	19	0	300	1change	
21	20	0	300	>0changes	
22	21	0	300	1change	

Fig. 12. Extrait du résultat attendu pour le fichier *ann.csv*

3. Executer le programme : si le fichier "**training.rda**" existe déjà dans le dossier */Fit*, il est recommandé de le déplacer, le renommer ou le supprimer, afin de constater que le nouveau modèle a bien été créé. Ensuite, pour générer ce fichier, il suffit d'appeler la fonction **Training** sur R avec les arguments adéquats (voir la partie suivante).

#### 7.4 Modifier les chemins de dossier et générer les pages *html*

Deux fichiers *.rmd* servent à illustrer le résultat de l'analyse :

- `Taunique.rmd`, qui est un compte rendu contenant les estimations finales et les graphes incertains.
- `graphes.rmd`, qui contient l'ensemble des graphes analysés.

Pour générer les pages *html* associés à chacun des deux fichiers, il faut modifier le chemin indiquant les 3 dossiers (`/Fit`, `/Code` et `/Results`) dans le début de code, puis cliquer sur **knit** sur Rstudio.

```

1 ---
2 title: "Résultat de l'analyse de la vidéo"
3 output:
4   html_document:
5     df_print: paged
6 ---
7
8 ```{r, include=FALSE}
9 ### A REMPLACER : ###
10
11 dossier_code = "/home/tmoins/Bureau/Taunique/Code/"
12 dossier_results = "/home/tmoins/Bureau/Taunique/results/"
13 dossier_fit = "/home/tmoins/Bureau/Taunique/Fit/"
14
15 #####
16 ...
17
18 ```{r, include=FALSE}
19 # Importation des packages :
20 require("knitr")
21 require("mclust")
22 require("Segmentor3IsBack")
23 require("penaltyLearning")
24 require("mixtools")
25
26 # Importation des fonctions :
27 source(paste(dossier_code,"fusionsegmentor3.R", sep = ""))
28 source(paste(dossier_code,"penaltylearning.R", sep = ""))

```

**Fig. 13.** Extrait des premières lignes de *Taunique.rmd* et *graphes.rmd*. Les lignes 11,12 et 13 contiennent les chemins des 3 dossiers `/Fit`, `/Code` et `/Results` (à modifier)

## 8 Explication du code écrit en R

Au sein du code, les fichiers `.rmd` servent à générer les pages *html*, et appellent les fonctions définies dans les fichiers R et qui permettent l'analyse des signaux.

### 8.1 Description des fonctions principales du code :

Trois fichiers regroupent l'ensemble des fonctions implémentées :

#### Fichier "fusionsegmentor3.R" :

Ce fichier regroupe ce qui concerne la segmentation à l'aide du package `Segmentor3IsBack`. On y trouve deux fonctions :

- Une fonction `Fusion`, qui calcule la segmentation d'un signal avec la pénalité de Lebarbier. Elle prend en argument un vecteur contenant l'intensité d'un signal au cours de temps, le nombre maximal de possibles possibles, le rapport minimum entre l'amplitude de signal et la taille des marches calculées (voir 3.1), ainsi que le numéro du graphe (pour la présentation du graphe). On obtient en sortie la liste des hauteurs des segments (c'est-à-dire l'ensemble des  $(\mu_k)_k$ ), le nombre de segments, la liste des abscisses des instants de rupture, ainsi que la valeur de la vraisemblance du modèle choisie.
- Une fonction `FusionALL` qui prend en argument le nom d'un fichier csv contenant en colonne l'ensemble des valeurs temporelles des signaux, le nombre maximal de segments possibles et le ratio minimum pour la taille d'une marche (identiques à celui de `Fusion`). Cette fonction va appeler séquentiellement la fonction `Fusion` pour l'ensemble des signaux, et va renvoyer la liste du nombre de segments pour chaque signal, un tableau contenant la liste des hauteurs de segments, un tableau contenant les instants de rupture, ainsi que 3 listes contenant la variance, la taille, et la vraisemblance au modèle pour chaque signal.

#### Fichier "penaltylearning.R" :

Ce fichier concerne la segmentation avec `penaltyLearning`, et contient 4 fonctions :

- Une fonction `Training` qui permet de générer un modèle de prédiction à partir des données qu'on lui fournit. Il prend en argument le nom du fichier contenant les intensités des signaux qui permettent l'entraînement, le nom du fichier contenant les annotations associés, et le nombre maximal de segments possibles. La fonction ne renvoie rien, mais génère un fichier "Training.rda" avec le modèle entraîné.
- Une fonction `Choix_k` qui prend en argument le nom d'un fichier contenant des intensités, le nom d'un modèle de prédiction, et le nombre maximal de segments, et renvoie le nombre de segments prédits pour chaque signaux.
- Deux fonctions `Calcul_Segments` et `Calcul_SegementsALL`, analogues à `Fusion` et `FusionALL` de la partie concernant `Segmentor3IsBack`.

#### Fichier "analyse.R" :

Ce fichier contient des fonctions annexes qui servent entre autre pour l'analyse après les segmentations. Il contient 5 fonctions :

- Une fonction `Marches_coord`, qui à partir de ce que renvoie `FusionALL` ou `Calcul_SegementsALL`, procède au tri sur les signaux mal analysés, et renvoie le nombre final de signaux exploités, deux listes contenant les hauteurs des premières et deuxièmes marches (calculés à partir des hauteurs de segments renvoyés par `FusionALL` ou `Calcul_SegementsALL`), les

abscisses des premières et deuxième marches, et les numéros des graphes conservés.

- Les fonctions  $f_1$  et  $f_2$  définis dans la partie 5.2.
- Une fonction `Indice_confiance` qui prend en entrée ce que renvoie `FusionALL` ou `Calcul_SegementsALL` et ce que renvoie `Marches_coord`, et retourne la liste des indices de confiance pour chaque signal.
- Une fonction `affiche_marche` qui permet d'afficher le graphe d'un signal ainsi que sa segmentation associé (la valeur "IC = ..." correspond à l'indice de confiance du modèle)

## 8.2 Exemple d'analyse

L'ensemble de ces étapes sont reprises dans le fichier `Code/Taunique.rmd`.

### Première étape : entraînement du modèle de `penaltyLearning`

Dans le dossier `/Fit`, si le fichier `"training.rda"` n'existe pas, alors il est généré à partir des fichiers `"ann.csv"` et `"data.csv"` avec la fonction `Training` :

```
dossier_fit = "Taunique/Fit/"
train_model = paste(dossier_fit,"training.rda", sep = "")

if(!file.exists(train_model)){
  train_data = paste(dossier_fit,"data.csv", sep = "")
  train_ann = paste(dossier_fit,"ann.csv", sep = "")
  Training(train_data, train_ann, kmax = 4)
}
```

### Deuxième étape : segmentation des signaux à l'aide des deux méthodes

On récupère dans le dossier `/Results` le fichier sortie par la macro sur `ImageJ` qui nous donne les valeurs d'intensité de l'ensemble des points en fonction du temps, et on exécute les fonctions `FusionALL` et `Calcul_SegmentsALL` pour obtenir le calcul des segmentations avec les deux pénalités différentes :

```
dossier_results = "Taunique/Results"
test_data = paste(dossier_results, "results.csv", sep = "")

list_k = Choix_k(test_data, train_model, kmax = 4)
resultat1 = Calcul_SegmentsALL(test_data, list_k, kmax = 4, affichage = 0)

resultat2 = FusionALL(test_data, affichage = 0, kmax = 4, ratio = 10)
```

Les variables `resultat1` et `resultat2` contiennent les résultats des deux segmentations.

### Troisième étape : calcul des indices de confiance et sélection de la meilleure segmentation

Pour les deux méthodes, on calcule les indices de confiances de chaque marches et on compare ces deux nombres pour chaque signaux afin de stocker dans la variable `resultat` le meilleur résultat :

```
marches1 = Marches_coord(resultat1)
marches2 = Marches_coord(resultat2)

IC1 = Indice_confiance(marches1, resultat1)
IC2 = Indice_confiance(marches2, resultat2)
IC = pmax(IC1,IC2)

resultat = resultat1
resultat$nbmarches[IC1 < IC2,] = resultat2$nbmarches[IC1<IC2,]
resultat$moymarches[IC1 < IC2,] = resultat2$moymarches[IC1<IC2,]
resultat$absmarches[IC1 < IC2,] = resultat2$absmarches[IC1<IC2,]

marches = Marches_coord(resultat)
```

Les variables `marches` et `resultat` contiennent l'ensemble des informations nécessaires, il suffit ensuite d'extraire celles que l'on souhaite.

### 4<sup>e</sup> étape : affichage des courbes

Il suffit pour cela d'appeler la fonction `affiche_marche`, avec les variables `marches`, `resultat`, et `data` qui sont les données temporelles initiales.

On peut également n'afficher que les courbes qui ont un indice de confiance supérieur à un certain seuil si on le souhaite :

```
data = read.table(test_data, header=TRUE, sep = ",")
data = data[,-1] #pour enlever la colonne des labels

seuil_confiance = 0.65

for(i in marches$absgraphes){
  if(IC[i]<seuil_confiance){
    affiche_marche(resultat, data, marches, i, IC)
  }
}
```

## 9 Conclusion

### 9.1 Récapitulatif

À partir d'une expérience de calibration, un processus a été créé afin de détecter les protéines sur la vidéo acquise, d'étudier l'intensité lumineuse de chacune d'elle au cours du temps et en déduire l'intensité de fluorescence et la proportion monomère/dimère de l'échantillon.

Plus précisément, les étapes de traitement sont les suivantes :

1. Détection des points lumineux avec le plugin THUNDERSTORM d'ImageJ et extraction de l'intensité lumineuse au cours du temps.
2. Segmentation des signaux par deux méthodes différentes : avec une pénalité classique (package `Segmentor3IsBack`) et une pénalité apprise (package `penaltyLearning`).
3. Suppression des signaux dont l'analyse est mauvaise, et sélection de la meilleure segmentation parmi les deux calculées avec la création d'un indice de confiance.
4. Estimation de la taille moyenne d'une marche et de la proportion de signaux à 1 marche/2 marches en appliquant un algorithme EM avec contrainte.

### 9.2 Généralisation ?

Tout au long de l'analyse, nous nous sommes restreint au cas où seulement une ou deux protéines étaient présentes sur chaque spot lumineux. Cependant, cette approche peut se généraliser facilement dans un cas plus général avec un nombre maximal  $N$  de protéines. La majorité du code peut être utilisée en changeant simplement un paramètre (par exemple `kmax` dans certaines fonctions). Seul le code contenu dans le fichier "*analyse.R*", qui contient les fonctions permettant de supprimer les graphes qui ont plus de 2 marches, de calculer l'indice de confiance d'une segmentation ainsi que la fonction d'affichage de graphe, demande plus de changements. Pour le modèle de mélange, il suffit de considérer  $N$  gaussiennes au lieu de 2, avec les contraintes  $m_i = im_1 \forall i$ . Ainsi, généraliser à  $N$  protéines n'apporte pas une grande complexité supplémentaire dans la théorie, mais plutôt dans l'implémentation sur R, où une réorganisation du code est nécessaire et où l'augmentation de la complexité augmentera le temps d'exécution.

### 9.3 Forces et faiblesses de l'approche

La manière dont nous avons abordé le problème a plusieurs avantages : d'abord, le fait d'utiliser deux méthodes différentes pour segmenter un signal rends le calcul de la segmentation plus sûr. De plus, le fait de rechercher *a priori*



les signaux mal estimés permet d'éviter de considérer les erreurs commises sur l'ensemble des étapes, et donc de ne pas prendre en compte des potentielles valeurs aberrantes pour les estimations finales.

Un autre avantage est que la solution que nous avons apportée est modélisée pour notre problème : la détection de points sur la vidéo se fait avec un plugin conçu spécialement pour les expérience *SMLM*, et nous prenons en compte par la suite l'ensemble des priorités théoriques des marches (décroissances, apparition souvent très tôt, etc). Néanmoins, cela a pour défaut de moins s'adapter à d'autres types expériences qui pourraient pourtant avec des similitudes avec celle-ci.

Un autre défaut que l'on peut trouver à notre approche est son caractère empirique : beaucoup de paramètres et de constantes ont été fixés durant tout le processus, et cela s'est fait en observant les caractéristiques des données dont nous disposons. De plus, un des deux calculs de segmentation se fait grâce à des annotations d'un observateur, ce qui accentue le caractère arbitraire de l'analyse : la solution dépend de l'interprétation qu'un observateur va faire des données. La conséquence à cela est qu'il est impossible de prouver que les algorithmes qui ont été implémentés fonctionneront toujours en pratique.

Néanmoins, un avantage majeur que comporte notre approche est son utilisation qui s'avère relativement simple : une grande partie du travail effectuée a été de centraliser plusieurs méthodes et algorithmes et "automatiser" le processus afin d'avoir quelque chose d'utilisable facilement, même pour des personnes qui n'ont jamais appris le langage R.

#### 9.4 Pistes d'améliorations

La généralisation à d'autres signaux ou un changement de modèle pourrait être considéré par la suite : par exemple, il peut être intéressant de considérer un modèle hétéroscédatique au lieu d'homoscédatique comme nous faisons ici.

## Littérature

1. Elie et al. (2015) Tau co-organizes dynamic microtubule and actin networks. *Sci Rep* 5 :9964
2. M. Ovesný, P. Křížek, J. Borkovec, Z. Švindrych, G. M. Hagen. ThunderSTORM : a comprehensive ImageJ plugin for PALM and STORM data analysis and super-resolution imaging. *Bioinformatics* 30(16) :2389-2390, 2014
3. Izeddin, I. Boulanger, J. Racine, V. Specht, C. G. Kechkar, A. Nair, D. Triller, A. Choquet, D. Dahan, M. and Sibarita, J. B. Wavelet analysis for single molecule localization microscopy. *Optics Express* 20(3), 2081–95 (2012)
4. Alice Cleynen, Guillem Rigaiil and Michel Koskas (2016). Segmentor3IsBack : A Fast Segmentation Algorithm. R package version 2.0.  
<https://CRAN.R-project.org/package=Segmentor3IsBack>
5. Scrucca L., Fop M., Murphy T. B. and Raftery A. E. (2016) mclust 5 : clustering, classification and density estimation using Gaussian finite mixture models *The R Journal* 8/1, pp. 205-233
6. Toby Dylan Hocking (2017). penaltyLearning : Penalty Learning. R package version 2017.12.08.  
<https://CRAN.R-project.org/package=penaltyLearning>
7. Hocking TD, Rigaiil G, Bach F, Vert J-P. Learning sparse penalties for change-point detection using max-margin interval regression. *International Conference on Machine Learning (ICML)*, 2013.
8. Lebarbier, E. Detecting multiple change-points in the mean of gaussian process by model selection. *Signal Processing*, 85 :717–736, 2005.