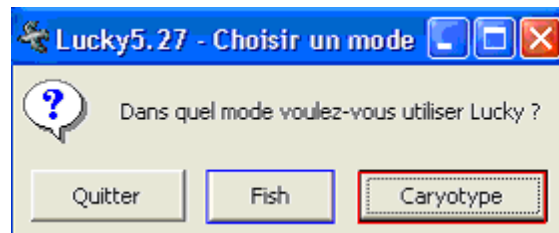


- Exécuter le logiciel Lucky
- Choisir le mode d'utilisation **Caryotype**



- Dans la fenêtre « **Mitose** »,



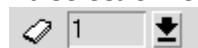
Cliquer dans **menu « Patient »**

Le **sélectionner** dans la liste déroulante par son nom : CQE GFCH Année



Cliquer dans **menu « Lame »**

La sélectionner dans la liste déroulante

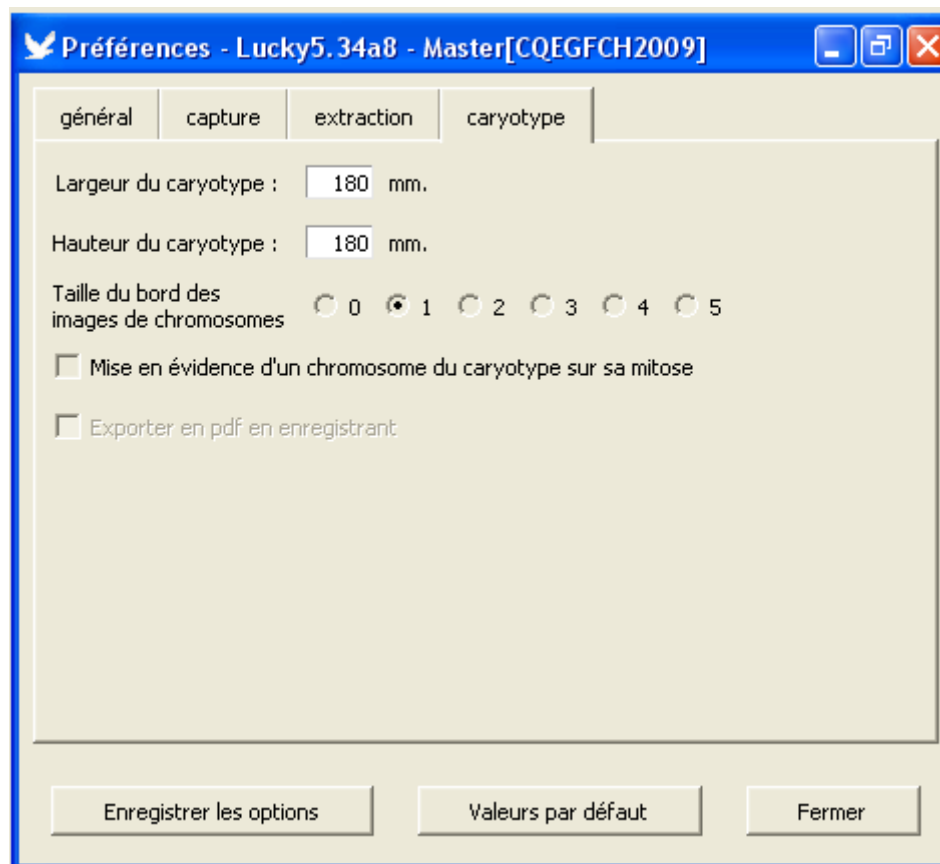


1 lame pour les bandes R

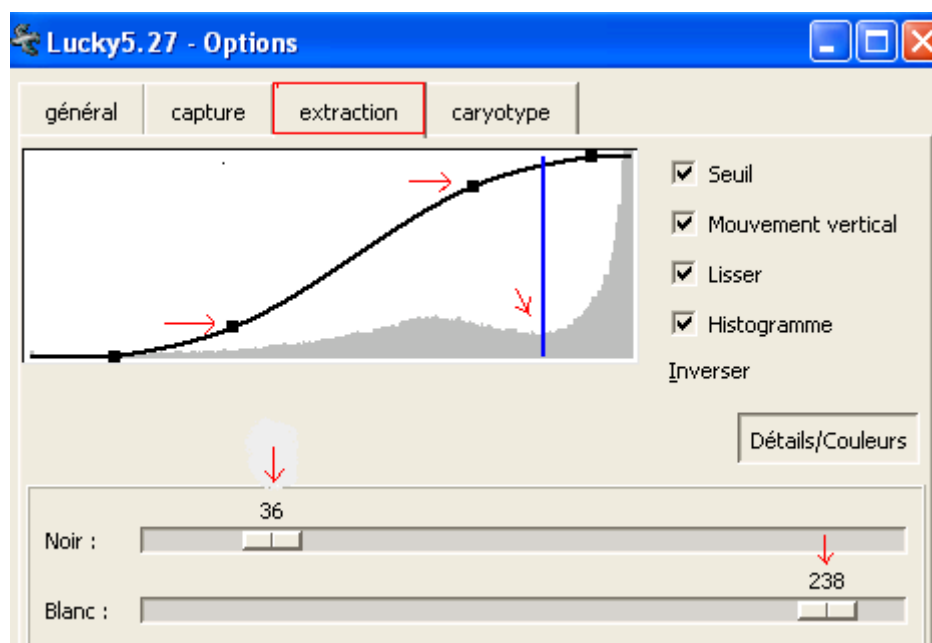
1 lame pour les bandes G

- Si vous souhaitez améliorer les contrastes de l'image

Cliquer dans le menu « **Fenêtres** », puis sur rubrique « **préférences** »



Puis sur extraction



- Placer la barre de seuil bleue, en cliquant dessus, au pied du pic le + pointu.
- **Contraste** : en déplaçant ↗ ou ↘ les 2 carrés intermédiaires.
- **Noir** : en déplaçant ← ou → le carré du bas ou le curseur correspondant.
- **Blanc** : en déplaçant ← ou → le carré du haut ou le curseur correspondant

Comptage des chromosomes sur la mitose

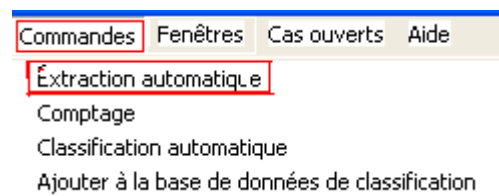
Cliquer sur l'icône « marques » puis sur les chromosomes, un point de couleur (que l'on peut choisir) apparaît alors dessus en même temps que le nombre de chromosomes cliqués.



Extraction des chromosomes en vue du caryotypage

❖ Extraction automatique

- Menu « **commandes** », rubrique « **extraction automatique** »



Les chromosomes voisins extraits sont entourés d'un trait de couleur # . Le nombre de chromosomes individualisés est indiqué dans le coin < en bas à gauche de la fenêtre (N :).

Si extractions de trop de bruit de fond (barre de seuil mal placée), possibilité d'interrompre l'extraction automatique en cliquant sur la touche Escape (Esc) et si trop d'extractions, fenêtre avec proposition de l'annuler.

Correction manuelle

❖ Suppression des fausses extractions

- S'il n'y en a qu'une, placer la souris dessus et sélectionner la rubrique « **supprimer cette extraction** » (bouton droit de la souris) ou appuyer sur **Suppr.**

- S'il y en a plusieurs, maintenir la touche **Suppr** enfoncée et tout ce que la flèche touchera sera effacé,

ou maintenir la touche **CTRL** enfoncée et cliquer sur les « non chromosomes » pour les sélectionner, relâcher ensuite la touche CTRL et supprimer ces éléments en sélectionnant la rubrique « **supprimer les sélections** » (bouton droit de la souris) tout en maintenant la flèche de la souris sur un de ces éléments.

❖ Séparation automatique de deux chromosomes juxtaposés

- Placer la souris sur l'un des deux chromosomes, appuyer sur la **barre d'espace**,

ou sélectionner la rubrique « **séparation automatique** » (bouton droit de la souris), une fois les chromosomes séparés le contour de chaque chromosome est d'une couleur #.

Si la séparation automatique ne s'est pas faite correctement :

- Placer la souris dessus et sélectionner la rubrique « **supprimer cette extraction** » (bouton droit de la souris), puis sélectionner « **extraire ici** »
- Faire une « **séparation manuelle** » (voir ci - après), une fois que les chromosomes sont séparés, leurs contours ont une couleur #.

❖ Séparation « manuelle » d'amas de chromosomes

- Tracer une ligne entre les chromosomes faussement regroupés à l'aide de la souris, bouton gauche appuyé, (commencer toujours à l'extérieur d'un chromosome).
- Replacer la souris sur l'amas et séparer les chromosomes avec la **barre d'espace** ou au moyen de la rubrique « **séparation** » (bouton droit de la souris).
- Si un chromosome est découpé en plusieurs fragments, cliquer sur ceux – ci en maintenant la touche **CTRL** enfoncée puis les regrouper en sélectionnant « **Grouper les sélections** », ou utiliser la **barre d'espace**.

❖ Ajustement du contour des chromosomes à l'aide de la gomme

Pour supprimer une « tache » incluse dans le contour d'un chromosome :

- Appuyer sur le bouton central de la souris.
- Repousser avec la gomme symbolisée par un rond le contour du chromosome afin d'en exclure ce qui ne lui appartient pas.

Pour agrandir le contour d'un chromosome si une partie n'a pas été extraite :

- Placer la flèche de la souris à l'intérieur du contour à modifier.
- Appuyer sur le bouton central de la souris.
- Repousser avec la gomme le contour du chromosome afin d'inclure ce qui lui manque.

- Les dimensions de la gomme peuvent être modifiées au moyen du pavé des flèches $\uparrow \downarrow$.

Zoom

Afin de mieux voir les chromosomes on peut zoomer.

- Double cliquer sur le chromosome (souris gauche), pour revenir à l'agrandissement initial facteur d'échelle 100%, double cliquer à l'extérieur des chromosomes.

❖ Extraction de chromosomes oubliés

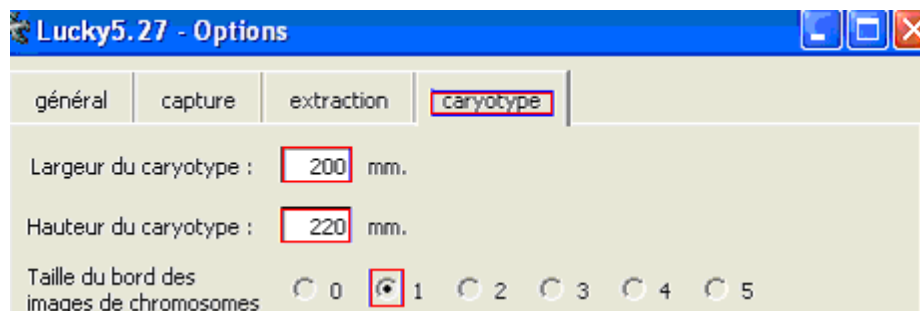
- Placer la souris sur le chromosome à extraire et sélectionner « **Extraire ici** »(bouton droit de la souris), ou **barre d'espace**.

Vérification

Le logiciel propose # fonctions pour vérifier le nombre de chromosomes extraits.

Le nombre de chromosomes extraits est affiché en bas à gauche de la fenêtre (N :) Menu « **commande** » , rubrique « **comptage** ».

Caryotype : Classification des chromosomes



On peut ainsi régler les dimensions du caryotype.

❖ Classification automatique

- Menu « **commandes** », rubrique « **Classification automatique** », ou bouton droit « **Classification automatique** »

❖ Correction manuelle de la classification automatique

- Les chromosomes mal classés peuvent être déplacés à l'aide de la souris en cliquant dessus (bouton gauche).
- Les centromères peuvent être ajustés sur la ligne en les déplaçant avec la souris (bouton gauche).
- Les chromosomes peuvent être retournés de haut en bas par un double clic de souris (bouton gauche), mais aussi de haut en bas (retourner) (bouton droit) et de droite à gauche (miroir horizontal) (bouton droit).
- Les chromosomes peuvent être linéarisés en cliquant dans le fond du caryotype (bouton droit) sur « Etirer toutes les extractions ». Pour les remettre dans leur conformation de base cliquer sur « DésEtirer toutes les extractions ».
- L'orientation des chromosomes peut être corrigée :
 - Maintenir la touche **CTRL** enfoncée.
 - Cliquer sur le centromère avec le bouton gauche et maintenez le enfoncé.
 - Déplacer la souris vers l'extérieur du chromosome, puis orienter le chromosome sur 360° à l'aide du trait rouge.
 - Les non chromosomes peuvent être supprimés grâce à la rubrique « **Supprimer cette extraction** »

Modification globale du contour

- Si tous les chromosomes ont des contours trop ajustés ou trop éloignés :
 - Placer le curseur dans la fenêtre du caryotype en dehors d'un chromosome.
 - Sélectionner « **agrandir toutes les extractions** » ou « **réduire toutes les extractions** » (bouton droit), ou appuyer sur **les flèches haut ou bas**. Répéter l'opération jusqu'à l'obtention de la taille souhaitée.
- Si vous voulez changer le contour d'un seul chromosome :
 - pointer ce chromosome et avec le bouton droit, sélectionner « **agrandir cette extraction** » ou **réduire cette extraction** », ou appuyer sur **les flèches haut et bas**.

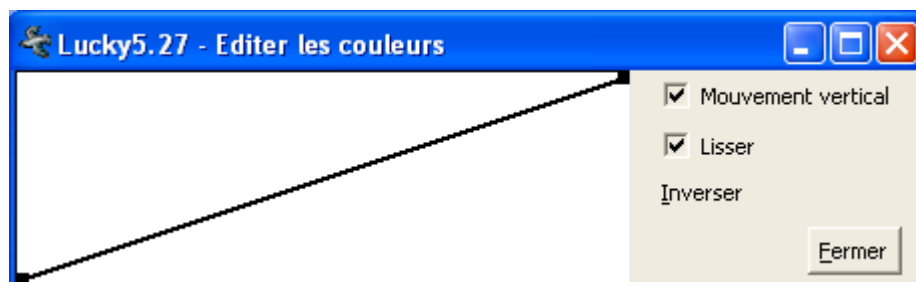
Gomme

Les débords chromosomiques liés aux croisements peuvent être supprimés en gommant ces derniers **sur la fenêtre de la métaphase** :

- Au niveau à modifier, appuyer sur le bouton central de la souris : un rond apparaît.
- Pousser ce rond pour déplacer le contour chromosomique à modifier (c'est le 1^o contour touché qui est modifié et le rond prend alors la couleur de ce contour).
- On peut modifier la taille du rond en cliquant sur + ou -.
- Pour travailler avec + de précision, on peut zoomer sur le chromosome.

Editer les couleurs

Si certains chromosomes sont trop pâles ou trop noirs comparés à leur environnement sur le caryotype, on peut y remédier **d'un clic droit sur chaque chromosome** dont la tonalité doit être modifiée.



- 1) le carré du haut : poussé --> gauche : contour + blanc.
: poussé --> bas : contour + noir.
- 2) le carré du bas : poussé --> droite : chromosome + noir.
: poussé --> bas : chromosome + blanc.

Renseignements

- Un commentaire peut être ajouté dans le bas de la fenêtre caryotype :
 - Cliquer sur le menu « patient » dans la rubrique « cas »
 - Ecrire dans la fenêtre (la souris étant à l'intérieur) la formule chromosomique ainsi qu'un éventuel commentaire. Les dernières formules utilisées sont mémorisées et visibles dans le menu déroulant (bouton droit de la souris).
 - Les renseignements concernant le patient et les lames apparaîtront au bas du caryotype.

Nom : LUCKY	Prénom : Luc	Dossier : 0001
Date Prev. : 19/10/04	Tissu : MOELLE/48H	Marquage : RHG
Lame : 1	Métaphase : 1	X: 50 Y: 100

- Un ou plusieurs chromosomes peuvent être fléchés et annotés soit dans la fenêtre métaphase soit dans celle du caryotype.

- Cliquer (bouton droit) là où vous voulez insérer le commentaire et sélectionner « **annotation** ».
- Choisir « **flèche** » ou « **Texte** ».
- On peut également prendre la flèche bleue  ou les lettres  dans le bandeau de la fenêtre et l'amener là où on le souhaite.
- Pour déplacer les annotations, cliquer sur .

Modification de la taille des chromosomes sur le caryotype

Pour agrandir tous les chromosomes du caryotype, cliquer dans la fenêtre facteur d'échelle dans le bandeau en haut à droite, (ex : agrandir de 10%, taper 110% au lieu de 100%).

Sauvegarde du caryotype

- Cliquer sur , la métaphase apparaît alors soulignée dans la liste déroulante des métaphases de la lame correspondante et imprimer, cliquer sur l'icône .
-

Sauvegarde du caryotype anonymisé en format JPEG pour envoi extérieur

- **Anonymiser** : Dans la fenêtre « **options** », onglet « **général** » : décocher « Afficher le panel des mitoses et des caryotypes ». Le bandeau avec les informations du patient et l'en tête du laboratoire seront masqués.
- **Sauvegarder au format JPEG** : Dans la fenêtre du caryotype, aller dans **fichier** et cliquer sur « exporter en tant qu'image ». Choisir l'emplacement de la sauvegarde, nommer le fichier suivi de l'extension .jpeg, puis dans le menu déroulant de type choisir le format souhaité, ici jpeg.

Impression

- Dans la fenêtre « **Préférences** » : onglet « **général** », les paramètres d'impression peuvent être réglés.

Visualisation de l'arborescence des cas pour un patient

- Aller dans « **Fenêtres** », onglet **Explorateur** pour visualiser le nombre de lames rattachées à un patient, puis le nombre de mitoses par lame. En cliquant sur les lames, la galerie des mitoses, en format réduit, apparaît permettant de choisir celles à caryotyper.