

Methoden der Variationsrechnung in der Bildverarbeitung

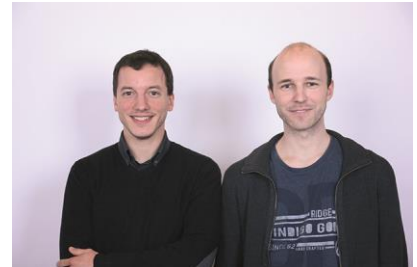
Das Erkennen und die Klassifizierung von Zellkernen auf Gewebeschnittbildern sind in der Medizin und Biologie von immenser Bedeutung. Dies zeigt sich darin, dass diese Informationen benötigt werden, beispielsweise um Krankheitsbilder zu erkennen, die Wirkung von Pharmazeutika zu analysieren oder um neue Pflanzenarten zu züchten. Im medizinischen Bereich wird die Auszählung und Detektion der Zellkerne häufig von Hand durchgeführt. Dabei ist es nicht unüblich, die Anzahl der Zellkerne mittels Hochrechnungen zu approximieren. Moderne Mikroskope eröffnen vielerlei Möglichkeiten zu immer genaueren Analysen. Dabei sind Automatismen gefragt, welche diesen manuellen Schritt ersetzen.

In der vorliegenden Arbeit sollte geprüft werden, inwiefern das bekannte Mumford-Shah Funktional zur Lösung dieses Problems beitragen kann. Insbesondere lag der Fokus dabei auf Zellclustern mit hohem Überlappungsgrad. Ziel war es, ein Tool basierend auf diesem Funktional zu entwickeln und dessen Ergebnisse mit einem Repräsentanten des aktuellen Standes der Technik, CellProfiler, zu vergleichen.

In dem entwickelten Tool wurden diverse Techniken der Bildverarbeitung eingesetzt. So wird in einer Präprozessierung zuerst der Hintergrund von den gefärbten Zellkernen getrennt. Das so normierte Bild der Zellkerne wird anschliessend mit dem Mumford-Shah Funktional segmentiert. Aufgrund der dabei generierten Daten werden schliesslich die Positionen der Zellkerne und deren Umrandungen berechnet.

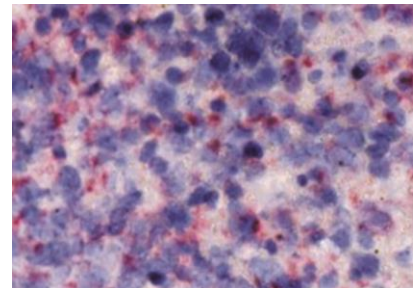
Für einen objektiven Vergleich unseres Tools mit CellProfiler wurde ein Generator zur Erzeugung künstlicher Gewebeschnittbilder auf Basis realer Zellkernbilder entwickelt. In einer Serie von Tests wurden die generierten Bilder mit beiden Tools analysiert und die Ergebnisse mittels F1-Mass verglichen.

Die erzielten Resultate zeigen, dass unser Ansatz vielversprechend ist. Eine Präprozessierung erweist sich dabei allerdings als zwingend notwendig. Bei den generierten Bildern konnte auch bei extremen Überlappungen eine bessere Zellkernsegmentierung und durchwegs ein besseres F1-Mass erzielt werden als mit CellProfiler. Auch bei den für uns nur sehr spärlich zur Verfügung stehenden, von Biologen ausgezählten echten Bildern, schnitt unser Tool ähnlich gut oder besser als CellProfiler ab. Durch weiteres Optimieren der Parameter unseres Ansatzes und mit weiteren Tests, die mit Unterstützung von Biologen durchgeführt werden müssten, könnten hier sicherlich noch bessere Resultate erreicht werden.

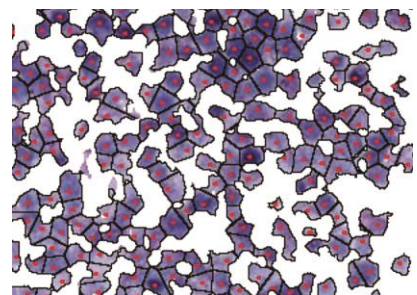


Diplomierende
Benjamin Meier
Remo Schweizer

Dozierende
Thomas Haller
Samuel Beer



Ausschnitt eines Gewebeschnittbildes wie sie bei Actelion Pharmaceuticals Ltd vorkommen.



Resultat des entwickelten Zellkernsegmentierungsalgorithmus auf Basis des Mumford-Shah Funktionals.