

Medical Image Analysis using Deep Learning

Diese Masterarbeit gibt eine vertiefte Übersicht der gegenwärtig angewandten Deep Learning Objekterkennungsmethoden für die medizinische Bildanalyse, insbesondere für mikroskopische Gewebeschnitte. Eine wesentliche Besonderheit und Herausforderung der medizinischen Bildanalyse ergibt sich dadurch, dass Datensätze von Patienten nur sehr begrenzt verfügbar sind und manchmal ohnehin nicht öffentlich zugänglich, Gewebeschnitte aufgrund unterschiedlicher Färbequalität sehr heterogen sind und ausserdem signifikante Zellüberlappungen aufweisen, welche eine gute Trennung und somit die Erkennung erschweren.

Um jedoch eine reproduzierbare und validierbare diagnostische Interpretation erzielen zu können, sind grosse Datensätze von guter aufnahmetechnischer Qualität zwingend notwendig. Bestmögliche Resultate für eine Analyse werden daher oft dadurch erzielt, dass viele kleine Ausschnitte pro Bild extrahiert, vorverarbeitet und schliesslich augmentiert werden. Zusätzlich werden Domain-Adaptation und andere Transfer-Lerntechniken zusammen mit Deep Networks verwendet. Die Rezension neuerer Veröffentlichungen in dem Bereich der medizinischen Bildanalyse zeigt, dass die angewandten Methoden von Studie zu Studie variieren. Dies erschwert einen aussagekräftigen Vergleich der Ergebnisse aus verschiedenen Studien stark.

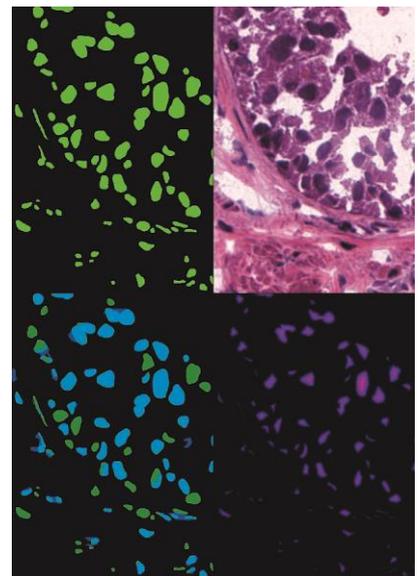
In vorliegender Arbeit wird ein Überblick erstellt, um, erstens, einen Vergleich der unterschiedlichen Methoden zu ermöglichen und die Ergebnisse zu reproduzieren. Zweitens werden einige Deep Architekturen analysiert, die diese Art Eingabebilder verarbeiten können und zum etablierten Stand der Technik zählen.

Unsere eigenen experimentellen Studien gehen von der Idee der Deep Watershed Transformation aus, welche kompetitive Resultate zu leisten vermag, und führen darauf aufbauend zu einem Hybrid-Modell. Für das Hybrid-Modell entwickelten wir zwei Pipelines, eine verwendet die Wavelet Scattering Transformation, die zweite die Haar Transformation. Für die Beurteilung der entwickelten Lösungsansätze haben wir die einschlägig etablierten Metriken wie Aggregated Jaccard Index, ensemble DICHE und Panoptic Quality verwendet und die Modelle auf dem MoNuSeg Datenset trainiert.



Diplomand/in
Stefan Huschauer

Dozent/in
Thilo Stadelmann



Rechts oben: Ausschnitt einer RGB-Aufnahme eines Zellschnittes mit H&E eingefärbt, unten rechts: Distanztransformation (Energieebene) der Nukleus-Zellwand, oben links: Annotation der Nuklei in grün, unten links: Überlagerung der Annotation (grün) und der Prediction des Netzwerkes (in blau).