

Registrierung histologischer Schnittbilder auf der Basis von Zellkerndichten

Registration of histological slide images based on cell nuclei densities

betreut von / supervised by

Johannes Lotz, M. Sc.

Prof. Dr. Jan Modersitzki

vorgelegt von / submitted by

Nick Weiss

Zusammenfassung

In dieser Arbeit wird ein Verfahren zur Registrierung histologischer Schnittbilder vorgestellt, welches, auf Basis der Zellkerndichten zweier Schnittbilder, die Veränderungen, die ein Gewebeschnitt im Vergleich zu seinem Nachbarn bei der Herstellung erfahren hat, ausgleicht. Diese Veränderungen können dabei sowohl affine Transformationen des Gewebes als auch lokale, elastische Deformationen beinhalten. Sind die Zellkernpositionen der Schnittbilder bekannt, eignet sich das Verfahren außerdem ohne Einschränkung zur Registrierung unterschiedlich gefärbter Gewebeschnitte. Die dichte-basierte Registrierung wurde sowohl für synthetische Bilddaten als auch für echte histologische Schnittbilder erfolgreich getestet.

Abstract

In this thesis a new method for the registration of histological slide images is presented. Based on the cell nuclei densities of two slide images the method corrects the changes one slide has undergone during the preparation process compared to its neighbouring slice. These changes are allowed to consist of affine transformations of the tissue as well as local elastic deformations. If the cell nuclei positions are known, the method can be used without limitation for the registration of differently stained slices. The density based registration was evaluated successfully using both synthetic image data and real histological slide images.

Abbildung Das Testbild (1) stellt ein vereinfachtes Modell eines histologischen Schnittbildes dar. Über die bekannten Zellkernpositionen (2) kann mit Hilfe der Parzen-Fenster-Methode eine passende Zellkerndichte (3) geschätzt werden.

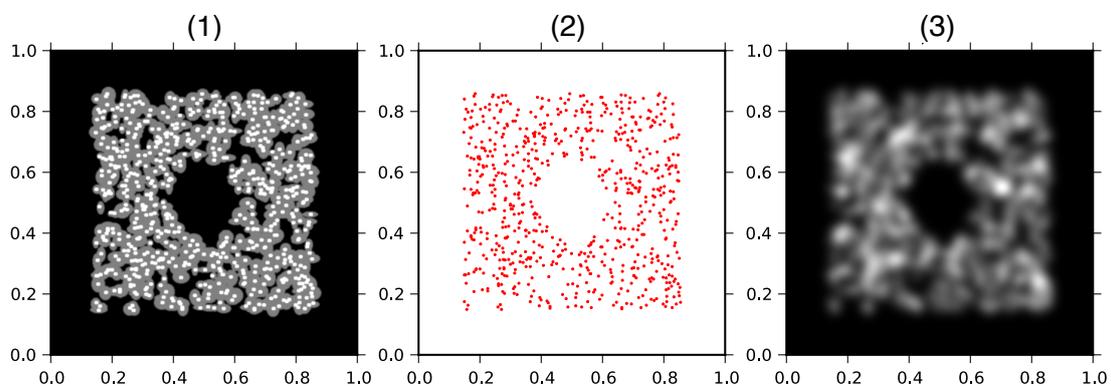


Figure The test image (1) represents a simplified model of a histological slide image. Given the cell nuclei positions (2) the Parzen-Window method can be used to estimate a suitable cell nuclei density (3).