

Laurent Thomas

Dr. sc. hum.

Computer vision and data-analysis solutions for phenotypic screening of small model organisms

Fach/Einrichtung: Innere Medizin/Medizinische Biometrie und Informatik

Doktorvater: Prof. Dr. med. Franz Schaefer

Das Thema dieser Dissertation ist das Design, die Entwicklung und das Benchmarking neuartiger wissenschaftlicher Software, welche durch die Fachbereiche Computer Vision und Data-science inspiriert wurde. Das Ziel war das Entwickeln von vielseitigen und robusten Lösungsansätzen, die auf die Anforderungen von mikroskopiebasierten, phänotypischen Screeningstudien in kleinen Modellorganismen zugeschnitten sind. Die hierbei entstandenen Softwares adressieren verschiedene Arbeitsschritte von Screening-Experimenten: die manuelle Ground-Truth-Annotation, die automatische Erkennung von Zielregionen (ROI), gezieltes Mikroskopieren von spezifischen Geweben und Organen mittels Feedback-Mikroskopie, Bildklassifikation and interaktive Datenexploration. Die Methoden wurden dabei generisch designed, an verschiedenen Mikroskopiedatensätzen von Zebrafisch- und Medakaembryonen getestet und sind insbesondere für das gewebe- und organspezifische phänotypische Screening geeignet. Die Software ist benutzerfreundlich und für biomedizinische Forscher mit wenig Programmierkenntnissen leicht zugänglich. Sie wurde in gängige wissenschaftliche Bildanalyse-Software integriert, und eine umfassende Dokumentation in Form von wissenschaftlichen Veröffentlichungen, quellcodebegleitenden Nutzungsanleitungen und Online-Video-Tutorials wurde erstellt. Um die Verbreitung der entstandenen Software und ihre Verwendung in neuen Projekten zu erleichtern, ist der gesamte Quellcode in Open-Source-Repositoryen hinterlegt. Die hier entwickelte Lösung demonstriert die Methoden der Computer Vision in softwarebasierten BioImaging-Anwendungen. Computer Vision Methoden stellen potentiell robustere Alternativen zu klassischen Bildverarbeitungswerkzeugen dar, z.B. als intensitätsbasiertes Thresholding. In dieser Arbeit werden innovative Softwarelösungsansätze für bisher unbearbeitete methodische Limitierungen im Bereich des mikroskopiebasierten Screening von alternativen Modellorganismen vorgestellt. Die entstandenen Werkzeuge und Dokumentationen ermöglichen biomedizinischen Wissenschaftlern neuartige, komplexe Mikroskopie-Workflows durchzuführen und neues Wissen aus phänotypischen Screeningstudien abzuleiten. In dieser Forschungsarbeit wurde nur ein Bruchteil der vielfältigen Ressourcen aus dem Bereich der Computer Vision untersucht. Insbesondere die Nutzung von Segmentierungsmethoden, welche die relativ grobe Lokalisierung mittels Bounding Boxen ergänzen, das zeitliche Nachverfolgen (Tracking) von Objekten oder die Detektion von Objekten in dreidimensionalen Volumina könnten weiterführende und aufbauende Arbeiten darstellen. Schlussendlich fördert das Bereitstellen von leicht einsetzbaren Implementierungen von nun gekapselten, komplexen Methoden aus dem Bereich der Computer Vision, weitere interdisziplinäre Innovationen im Bereich des biomedizinischen Imaging.