



Karlsruher Institut für Technologie

Fakultät für Maschinenbau

Institut für Automation and angewandte Informatik

Segmentierung und Merkmalsextraktion in 3D-Mikroskopiedaten

Masterarbeit in Elektrotechnik und Informationstechnik

eingereicht von

David Exler

Erstprüfer: Prof. Dr. Gerardo Hernandez-Sosa

Zweitprüfer: apl. Prof. Dr. Markus Reischl

2025

Abstract Abstract.

Zusammenfassung Deutscher Abstract.

Inhaltsverzeichnis

1 Einleitung	1
2 Theorie	3
2.1 Überblick	3
2.2 Methoden	3
2.2.1 Unfertiger Zwischendurch-Text!	3
2.2.2 Benchmark	4
2.2.3 Segmentierung	5
2.2.4 Klassifikation	6
2.3 Literaturrecherche	7
2.3.1 Benchmark	7
2.3.2 Segmentierungsnetz	8
2.3.3 Klassifikator	10
2.4 Offene Probleme	11
2.5 Zielsetzung	12
3 Neues Konzept	15
3.1 Überblick	15
3.2 Bewertungskriterien	15
3.3 Klassifikator	19
3.3.1 Encoder	20
3.3.2 Vorverarbeitung	20
3.3.3 Vortraining	21
3.3.4 Decoder	23
4 Implementierung	27
4.1 Überblick	27
4.2 Segmentierungsmodelle	27
4.3 Klassifikatoren	28
4.4 3D-Zelldaten-Pipeline	28
4.4.1 Segmentierung	29
4.4.2 Labeling App	29
4.4.3 Methoden Vergleich	31
4.4.4 Training	32
4.4.5 Visualisierung	32

Inhaltsverzeichnis

4.5 Training	33
5 Results	35
5.1 Überblick	35
5.2 Segmentierung	35
5.3 Klassifikation	36
6 Diskussion	41
6.1 Überblick	41
6.2 Segmentierung	41
6.3 Klassifikation	41
7 Zusammenfassung	43
7.1 Überblick	43
7.2 Zusammenfassung	43
A Appendix	45
A.1 SWINV2 Architektur	45
A.2 Injektive Panoptische Qualität (IPQ)-Ergebnisse	45
References	53

Einleitung 1

Myotuben sind mehrkernige Muskelzellfäden [1, 2]. Sie repräsentieren ein intermediäres Stadium der Muskelentwicklung, in dem sich die grundlegende Organisation der Muskelfaser bildet [3]. Menschliche Myotube-Kulturen [4] können für diverse Forschungszwecke als Modellsystem eingesetzt werden. Sie werden beispielsweise verwendet, um Muskelkrankheiten zu modellieren [5], Antworten auf neue Medikamente vorherzusagen [6] oder synthetische Muskeln [7] sowie Muskelregeneration [8] zu erforschen. In den meisten Fällen werden die Myotuben, ihre Zellkerne und zugehörige, umliegende Strukturen eingefärbt und unter dem Mikroskop analysiert [9, 10, 11]. Die Bilddaten entstehen dabei mit unterschiedlichen Herstellungsbedingungen, Färbungen und Aufnahmegeräten, was eine generalisierte Automatisierung erschwert [12, 13, 14, 15].

Im Zuge der vorliegenden Arbeit werden *TODO Beschreibung der Daten und Aufnahmebedingungen* Daten analysiert und die Ergebnisse automatisiert ausgewertet. Aus den Daten werden interpretierbare Merkmale wie die Zellkernanzahl, die Verteilung der Zellkernklassen und das Myotubenvolumen extrahiert. Diese Merkmale ermöglichen es, die Entwicklung der Myotuben ohne manuellen Aufwand zu vermessen und zu überwachen. Alle hierzu angewandten Methoden sind auf Basis quantitativer Vergleiche aktueller Forschung gewählt und bestmöglich auf die Anforderungen angepasst.

Um die Analyse biologischer Daten effizient und in großem Umfang durchführen zu können, sind Bildverarbeitungsprogramme notwendig [16], da die manuelle Auswertung sowohl anspruchsvoll als auch zeitintensiv ist [5]. Myotuben in Forschungsumgebungen ordnen sich in chaotischen Netzen mit Verschränkungen und Überkreuzungen an [17]. Aktuell sind Bildverarbeitungsmethoden nicht in der Lage, zuverlässig einzelne Myotuben in einem dreidimensionalen Bild zu erkennen und von ihrem Anfang bis zum Ende zu verfolgen [18]. Besonders die Bündel, die in der Entwicklung der Myotuben häufig entstehen, verhindern oft die getrennte Segmentierung der einzelnen Myotuben [7]. Außerdem stellen die dreidimensionalen Daten eine große Herausforderung für Hard- und Software dar [19, 20, 21, 22]. Besonders herausfordernd sind dabei die stark erhöhten Speicher- und GPU-Anforderungen und dass weniger Methoden sowie Datensätze etabliert sind [23, 24, 25]. Der Mehrwert einer dritten räumlichen Dimension kann allerdings die Ergebnisse wesentlich verbessern, was die Verarbeitung von 3D-Daten daher zu einem zentralen Forschungsaspekt macht [26, 27].

Das übergeordnete Ziel der vorliegenden Arbeit ist es, die Segmentierung einzelner Myotuben in dreidimensionalen Mikroskopiedaten zu ermöglichen. Aus den Segmentierungsmasken werden daraufhin morphologische Eigenschaften der einzelnen Myotuben gewonnen. Außerdem können die Ergebnisse genutzt werden, um den Status der Entwicklung

einzelner Myotuben, unter anderem, anhand der darin enthaltenen Zellkerne zu ermitteln. Deshalb ist ein weiteres Ziel, die Zellkerne zu segmentieren und zu klassifizieren. Für die Klassifikation soll im Rahmen dieser Arbeit Expertenwissen zeiteffizient erfasst und genutzt werden. In einer Applikation die keine Programmierkenntnisse benötigt sollen sowohl die Segmentierung, als auch die Annotation durch Experten, der Klassifikator-Methodenvergleich zur Anpassung an neue Daten und das Klassifikatortraining durchführbar sein. Aus diesen Zielen ergeben sich die folgenden Mehrwerte der vorliegenden Arbeit:

- Ein Vergleich etablierter Segmentierungsmodelle für Nuclei auf vorher ungesiehenen, dreidimensionalen Daten.
- Eine Labeling App, die zeiteffizient Expertenwissen über die Klassen von Nuclei in dreidimensionalen Daten erfasst.
- Ein neues Kriterium zum Vergleich von Segmentierungsmodellen im Hinblick auf die Eignung der entstehenden Segmentierungsmasken zur Extraktion interpretierbarer Merkmale.
- Ein Vergleich von Methoden des Vortraining, der Vorverarbeitung sowie etablierter Encoder und neuer Decoder für die Klassifikation von dreidimensionalen Zellkernen.
- Ein optimaler Klassifikator für die Nuclei der vorliegenden Arbeit.
- Eine Applikation mit automatischem Ablauf, die Nutzer*Innen durch die Annotation und das Training von Klassifikatoren leitet und einen Methodenvergleich für den Klassifikator ermöglicht.
- Eine Methode, um das Klassifikationsergebnis zu nutzen, um die Instanzsegmentierung von Myotuben zu verbessern. (*NOTIZ: Das klappt sehr schlecht, soll das dann raus?*)

Die nachfolgende Ausarbeitung ist wie folgt strukturiert. In Kapitel 2 sind Grundlagen, relevante Literatur und der Stand der Technik beschrieben. Außerdem sind dort offene Probleme, sowie die Ansätze, die die vorliegende Arbeit verfolgt um sie zu lösen, dargestellt. Die Methodik (Kapitel 3) beschreibt das neue, praktische Konzept, das die Arbeit einführt, und das Kapitel 4 (Implementierung), wie diese Methoden umgesetzt werden. Im Kapitel 5 (Ergebnisse) werden ungewertet die Ergebnisse der durchgeführten Experimente dargestellt, im Kapitel 6 (Diskussion) werden dann diese Ergebnisse ausgewertet. Mit dem Kapitel 7 (Zusammenfassung) schließt die Ausarbeitung ab, legt kurz die gesamte Arbeit dar und liefert einen Ausblick für zukünftige Ziele. Der Code dieser Arbeit ist verfügbar unter: github.com/DavidExler/Masterarbeit. (TODO Öffentlich stellen)

Theorie 2

2.1 Überblick

Im nachfolgenden Kapitel wird der theoretische Hintergrund der vorliegenden Thesis behandelt. Hierzu werden sowohl die Methoden verwandter Projekte und Studien als auch die Literatur zum aktuellen Stand der Technik beleuchtet. Dem theoretischen Hintergrund wird der Neuheitswert der Arbeit gegenübergestellt, um den Beitrag des vorliegenden Projekts zur Forschung zu verdeutlichen.

2.2 Methoden

2.2.1 Unfertiger Zwischendurch-Text!

Bilineare Interpolation ist ein Verfahren zur Bildnachbearbeitung, das die Dimension eines Bilds erhöht, indem Werte für neue Pixel zwischen bestehenden geschätzt werden [28]. Zur Schätzung des neuen Wert wird dabei ein gewichtetes Mittel aus den Vier benachbarten Pixeln genommen:

$$\hat{f}(x, y) = (1 - p)(1 - q)f_{i,j} + p(1 - q)f_{i+1,j} + (1 - p)qf_{i,j+1} + pqf_{i+1,j+1}, \quad (2.1)$$

wobei $\hat{f}(x, y)$ der neue Wert, $p, q \in [0, 1]$ die relativen Abstände zu den Nachbarpixeln, i, j die Indizes der Nachbarpixel und f die Intensität der Nachbarpixel sind.

Normierungsmethoden:

Batch Normalization normalisiert die Eingaben einer Schicht über eine Mini-Batch, indem für jedes abstrakte Merkmal der Schicht, das bei der Dimensionsreduktion des Bilds entsteht, eine Transformation durchgeführt wird [29]. Für die Transformation wird der Mittelwert des Mini-Batches vom Wert abgezogen und durch die Standardabweichung geteilt. Layer Normalization verfolgt einen ähnlichen Ansatz, berechnet Mittelwert und Varianz aber pro Schicht von allen Neuronen [30]. Beide stabilisieren das Training tiefer neuronaler Netze und lassen die Normalisierung als Bestandteil der Modellarchitektur lernen, statt sie nur als Preprocessing-Schritt durchzuführen [31, 32].

Cross-Entropy-Loss:

Der Cross-Entropy Loss [33]

$$\mathcal{L}(\theta) = \frac{1}{N} \sum_{n=1}^N -\log p(\tilde{y} = \tilde{y}_n | x_n, \theta), \quad (2.2)$$

ist die etablierte Loss Funktion für das Training von Klassifikatoren [34, 35]. Ein Problem der Cross-Entropy Loss Minimierung ist ihre Anfälligkeit für Rauschen der Annotationen. Viele verschiedene Ansätze in der Forschung gehen dieses Problem an [36, 37, 38]. Eine häufig genutzte Methode ist die Minimierung des Generalized Cross Entropy Loss:

$$\arg \min_{\theta, w \in [0,1]^n} \sum_{i=1}^n w_i \mathcal{L}_q(f(x_i; \theta), y_i) - \mathcal{L}_q(k) \sum_{i=1}^n w_i, \quad (2.3)$$

für das Klassifikator-Training [39]. **Genauigkeit** Für den Vergleich der Methoden der Klassifikation wird die Genauigkeit des getesteten Netz auf dem manuell annotierten Testanteil des Zieldatensatz verwendet:

$$\text{Genauigkeit} = \frac{1}{N} \sum_{i=1}^N \mathbf{1}\{\hat{y}_i = y_i\}, \quad (2.4)$$

wobei N die Anzahl der Vorhersagen, \hat{y}_i die Vorhersage des Klassifikators und y_i die Annotation ist. Als Genauigkeit eines trainierten Klassifikators wird dann der maximale Wert bezeichnet, den der Klassifikator während des Trainings erreicht. Hierzu werden die Modelle nach jeder Epoche evaluiert. (*Notiz: Ist das hier richtig platziert?*)

2.2.2 Benchmark

Um die Leistungsfähigkeit der Applikation, die im Rahmen der vorliegenden Thesis erstellt wird, zu prüfen, sind umfangreiche Datensätze notwendig. Für jede isolierbare Aufgabe muss ein Datensatz gewählt werden, der Annotationen entsprechend dieser Aufgabe mitbringt. Die Herausforderung bei der Auswahl eines Datensatzes ist, dass die darin enthaltenen Daten (Quelldaten) den Daten, für die die Anwendung entworfen wird (Zieldaten), *ähnlich* sein müssen. So wird sichergestellt, dass sich die auf den Quelldaten gemessene Qualität der Anwendung sinnvoll auf die Zieldaten übertragen lässt [40]. Der Begriff *Ähnlichkeit* ist mehrdeutig und das Definieren von Merkmalen in Daten, die das Messen von *Ähnlichkeit* ermöglichen, ist anspruchsvoll. Metriken, die als Maß für *Ähnlichkeit* genutzt werden müssen, müssen maßgeschneidert zur Anwendung passen und sind bereits breit erforscht [41, 42, 43]. Daten können mithilfe passender Metriken *Ähnlichkeits*-gruppen, sogenannten *Domänen*, zugeordnet werden [44]. Beispiele für Domänenunterschiede in biomedizinischen Bildaufnahmen sind verschiedene Farb-Marker, Aufnahmegeräte oder Zoom-Stufen (siehe Abb. 2.1). Sind verschiedene Darstellungen gleicher Objekte in Bildern wie in Abb. 2.1 dargestellt.

Intuitiv gehören die sichtbaren Objekte zur Klasse *Zellkern*, aber der Stil unterscheidet

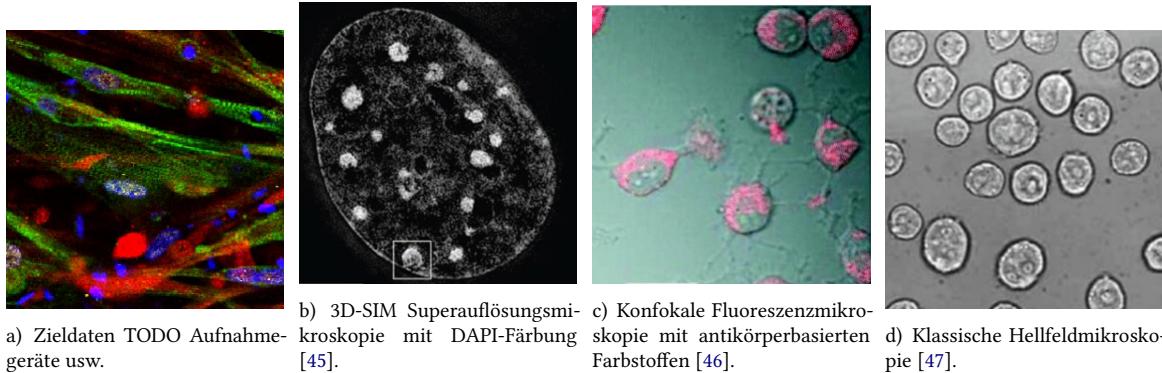


Abb. 2.1 | Vier Aufnahmen von Zellen. Die Bilddomänen sind durch die verschiedenen Marker und Aufnahmetechniken klar zu unterscheiden [45, 46, 47].

sich stark. Sie unterscheiden sich also in ihrer Domäne. In der Bildverarbeitung ist es essenziell, die Domäne der Quelldaten im Hinblick auf die Aufgabe der Applikation zu beachten [48, 49]. Hierzu kann ein passender Datensatz gewählt werden oder eine Domänenanpassung durchgeführt werden [50, 51, 52]. Ghosh et al. definieren Domänenanpassung: "Gegeben Quell- und Ziel-Domänen D_s und D_t sowie die Aufgaben τ_s und τ_t , zielen Domänenadaptations-basierte Verfahren darauf ab, ein Modell mit Parametern θ zu erlernen, das für die Zielaufgabe geeignet ist, wenn $D_s \neq D_t$ und $\tau_s = \tau_t$." [53].

2.2.3 Segmentierung

Segmentierung ist die Aufgabe, Pixel mit semantischen Labels zu klassifizieren (semantische Segmentierung [54]), einzelne Objekte voneinander abzugrenzen (Instanzsegmentierung [55]) oder beides zu kombinieren (panoptische Segmentierung [56]) [57]. In Abb. 2.2 sind beispielhaft Annotationen der verschiedenen Arten von Segmentierung zu sehen [56].

Für die verschiedenen Segmentierungsarten werden Architekturen an die Aufgabe ange-

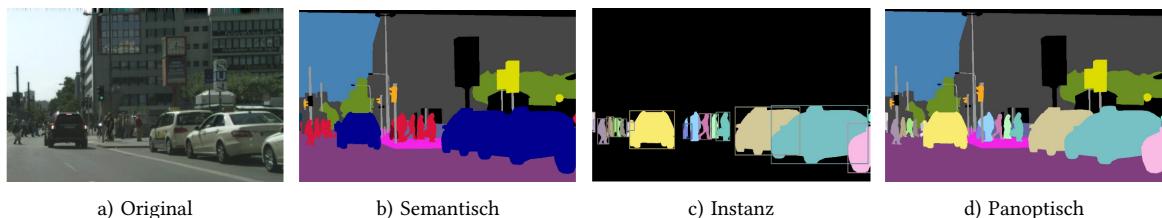


Abb. 2.2 | Die verschiedenen Arten der Segmentierung. Links ist das Originalbild zu sehen, rechts folgend sind die zugeordneten pixelweisen Labels farblich eingezeichnet. Gleiche Farben bedeuten gleiche Labels. In der semantischen Maske sind gleiche Labels mehrerer Objekte von semantisch gleichen Klassen zu finden. In der Instanz-Maske ist jedem Objekt ein individuelles Label zugeordnet, ungeachtet der Klasse des Objekts. In der panoptischen Maske sind auch einzelne Objekte getrennt, den Labels verschiedener Klassen werden allerdings noch semantische Klassen zugeordnet [56].

passt [58, 59]. Modelle sind dabei in der Regel nach dem Vorbild des *U-Net* [60] aus einem Merkmalsextraktor (Encoder) und einem Vorhersagenetz (Decoder) aufgebaut [61]. Der Encoder nutzt beispielsweise Bildfaltungen mit Kernen, deren optimale Gewichte anhand von annotierten Daten gelernt werden, zur Merkmalsextraktion [62]. Dabei verringert der Encoder iterativ die Größe der Eingabe jeder Schicht des Netzes in X, Y und im dreidimensionalen Fall in Z Richtung, erhöht dabei aber die Informationstiefe pro verbleibendem Pixel, bis ein hochdimensionaler Merkmalsvektor übrig bleibt. Der Decoder hebt, meist durch transponierte Bildfaltungen [63, 64], die räumliche Auflösung schrittweise wieder an, indem er die Bilddimensionen vergrößert und die Merkmalskanäle gleichzeitig reduziert [65]. Über sogenannte Skip-Connections [60] werden dabei Merkmale aus den entsprechenden Encoder-Schichten mit den Decoder-Stufen verknüpft, sodass sowohl globale Kontextinformationen als auch feine Strukturen für die Segmentierung erhalten bleiben [66, 67].

TODO: 3D-bzw 2.5D - Welche Methoden werden speziell für 3D-genutzt?

2.2.4 Klassifikation

Klassifikation beschreibt das Zuordnen einer Kategorie oder Klasse zu der eine gegebene Stichprobe gehört [68]. Hierzu werden die Merkmale des Objekts, das in der Stichprobe präsentiert wird, durch Beobachtung oder Messung gewonnen [69]. Nach wiederholter Extraktion der Merkmale von Objekten verschiedener Klassen werden Muster in den Merkmalen gesucht, um Regeln für die Zuweisung von Objekten zu Klassen auf Basis der Muster festzulegen [70, 71]. Sowohl die Algorithmen zur Merkmalsextraktion als auch zum Ableiten der Muster und Regeln können mit unterschiedlich hohem Rechenaufwand, Abstraktionsgrad und Maß an Generalisierbarkeit implementiert werden [72]. Zur Merkmalsextraktion werden klassisch beschreibende Eigenschaften des Objekts berechnet und kombiniert [73]. Als Eigenschaften eignen sich beispielsweise die Verteilung der Farbkanäle, eine Charakterisierung der Textur, die Fläche des Objekts [74, 75]. Eine weitere verbreitete Eigenschaft ist eine Kombination von Parametern der Fourier-Entwicklung einer Kontur, die aus der diskreten komplexen Zahlenfolge

$$c[n] = x[n] + i \cdot y[n], n = 0, \dots, N - 1 \quad (2.5)$$

mithilfe der diskreten Fourier-Transformation

$$F[k] = \sum_{n=0}^{N-1} c[n] \cdot e^{-2\pi i \frac{kn}{N}}, k=0, \dots, N-1 \quad (2.6)$$

gebildet werden [76, 77]. Hierbei sind $x[n]$ und $y[n]$ die Koordinaten des n -ten von N equidistanten Stützpunkten entlang der Kontur des Objekts, $c[n]$ ihre komplexe Darstellung und $F[k]$ die Fourier-Transformation der komplexen Darstellungen ist. Die Ergebnisse der Fourier-Transformationen mehrerer Stützpunkte werden dann als Eigenschaft verwendet. Merkmalsvektoren werden häufig abstrahiert und in ihrer Dimension reduziert, bei-

spielsweise durch eine Principal Component Analysis [78, 79]. Sind keine Annotationen verfügbar, werden diese Metriken zum Clustering verwendet [70, 80]. Wenn nur wenige Annotationen vorhanden sind, können semi-supervised-Verfahren angewandt werden, die besonders die Ähnlichkeit der Stichproben ohne Annotationen herausarbeiten [81, 82]. Eine prominente Methode des semi-supervised-Lernens ist das label spreading, das mithilfe einer Kernfunktion [83, 84] die Dimension von Merkmalsvektoren ändert und in einen alternativen Merkmalsraum transformiert [85]. Verschiedene Kernfunktionen wie die Radiale-Basis-Funktion [86]

$$\phi(x, y) = \exp(-\gamma \|x - y\|^2), \quad \gamma > 0 \quad (2.7)$$

werden für das label spreading eingesetzt [87]. Hierbei sind $x, y \in \mathbb{R}^d$ die Koordinaten der Stichprobe im Merkmalsraum, γ ein Parameter, der die Breite der Radialbasisfunktion steuert und $\phi(x, y)$ der Wert der Radialen-Basis-Funktion. Die meist genutzten Methoden der Klassifikation sind logik-basierte Ansätze wie Entscheidungsbäume, Perzeptron-basierte Ansätze wie neuronale Netze, statistische Ansätze wie Bayes'sche Netzwerke oder Nächster-Nachbar-Verfahren und Support Vector Maschinen [88]. Diese Methoden basieren direkt auf Ähnlichkeiten zwischen den Merkmalen von unbekannten Stichproben und Stichproben mit bekannter Klasse [89]. Moderne Anwendungen nutzen zur Merkmalsextraktion verschiedene Deep-Learning-basierte Methoden [90]. Vor allem Convolutional Neural Networks (CNNs) [91] und Vision Transformers (ViTs) [92] sind in der Lage, aus Bildern aussagekräftige, abstrakte Merkmale zu generieren [93]. Ein Netz, das zur Merkmalsextraktion eingesetzt wird, wird als **Encoder** bezeichnet. Als **Decoder** wird der zusammenfassende Teil des Klassifikators bezeichnet, er gibt einen Zuverlässigkeitswert für jede Klasse aus. Der State-of-the-Art für den Decoder ist ein neuronales Netz, das auf Basis der abstrakten Merkmale des Encoders eine Zuverlässigkeit für jede Klasse ausgibt [94]. Hierzu lernt in der Regel ein Multi-Layer-Perzeptron auf Basis von Trainingsdaten mit zugehöriger Annotation den Zusammenhang zwischen den Merkmalen und der assoziierten Klasse [95].

- . TODO: 3D-bzw 2.5D - Welche Methoden werden speziell für 3D-genutzt, gibt es Methoden zur Anpassung?

2.3 Literaturrecherche

2.3.1 Benchmark

Da das manuelle Erstellen der Annotationen für die Segmentierung von Zelldaten mit erheblichem manuellem Aufwand verbunden ist und zusätzlich Expertenwissen voraussetzt, sind Datensätze hierfür selten. Einige prominente Datensätze mit Annotationen für eine Instanzsegmentierung, deren Domänen zu den Zieldaten der Anwendung dieser Arbeit *ähnlich* sind, sind:

- LiveCell [96], ein manuell annotierter und Experten-validierter Datensatz aus 5.239

2D-Bildern. Die Daten sind mit Phasenkontrastmikroskopie gesammelt und enthalten 1.686.352 individuelle Zellen von acht verschiedenen Zelltypen.

- YeaZ [97], ein zweiteiliger Datensatz von Hefe-Zellen aus 87 Phasenkontrast-Bildern mit insgesamt 10.422 Zellen und 614 Hellfeld-Bildern mit insgesamt 3.841 Zellen in 6 Beleuchtungsstufen aufgenommen. Die Annotationen sind semi-maniuell erstellt, da die Phasenkontrast-Bilder manuell, und die Lichtfeld-Bilder aus den Phasenkontrast-Segmentierungsmasken annotiert wurden.
- DeepBas [98, 99], ein Datensatz von *B. subtilis strain SH130* Bakterien. Er besteht aus Weitfeldaufnahmen (Fluoreszenz), aufgenommen mit einem inversen Mikroskop, bestehend aus sieben manuell annotierten Bildern mit je zwischen 46 und 335 Zellen.
- die Cell Tracking Challenge [100], eine Sammlung aus 13 Datensätzen verschiedener Mikroskopimodalitäten, die sich zum Messen der Segmentierungs- und Verfolgungsfähigkeiten für verschiedene Zelltypen eignen.
- MoNuSeg [101], eine Zusammenstellung manuell annotierter Gewebeabschnitte von sieben verschiedenen Organen. Über 21.000 Zellen sind pro Bild in den 30 Bildern mit verschiedenen Färbungen und Aufnahmetechniken verteilt.
- TissueNet [102] ein umfassender Datensatz mit über 1.000.000 Zellen mit diversen Gewebearten und unterschiedlichen Aufnahmetechniken.
- S-BIAD1518 [103, 104], ein Datensatz der neben manuell annotierten Bildern von acht verschiedenen Zellarten sind synthetisch erzeugte Daten enthält. Mit Hilfe von SpCycleGAN [105] wurden dazu auf Basis von simulierten Annotationen Bildern generiert, die anstreben die Merkmale der realen Bilder zu reproduzieren. Es handelt sich hierbei um 3D-multispektrale Daten, aufgenommen mittels Fluoreszenzbildgebung.

Aufgrund des geringen Volumens frei zugänglicher Daten sind diese Sammlungen auch für das Training von Segmentierungsnetzen begehrte. Neben annotierten Datensätzen bietet die Literatur auch Methoden zum eigenständigen Erzeugen domänenspezifischer Datensätze [106, 107, 108, 109, 110]. Beispielsweise können 3D-Trainingsdaten mit realistischer Zellform und -ausrichtung und umgebenden Markern synthetisch erzeugt und durch ein Generative Adversarial Network an eine gewünschte Bilddomäne angepasst werden [111].

2.3.2 Segmentierungsnetz

Foundation-models sind für viele moderne Künstliche Intelligenz (KI)-Anwendungen unerlässlich [112]. Sie werden zunächst für allgemeine Aufgaben vorgenutzt und anschließend auf spezifische Anwendungen angepasst (fine-tuning), meist unter Einfrieren von

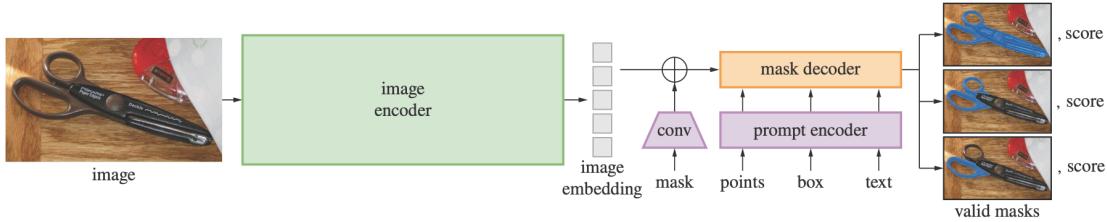


Abb. 2.3 | [119]. Architektur des **SAM**. Eingabebilder werden durch einen Bildencoder zu Repräsentationen umgeformt. Zusätzliche optionale Hinweise auf das zu segmentierende Objekt werden durch Bildfaltungen oder einen Prompt Encoder repräsentiert. Anschließend prädiziert der Decoder mehrere mögliche Masken und zugehörige Zuversichtlichkeiten.

Teilen der Gewichte [113]. Auch Segmentierungsmodelle profitieren stark von umfangreichem Vortraining [114]. In der aktuellen Forschung werden verschiedene foundation models für Segmentierung angewandt [115, 116, 117, 118]. Ein prominentes Exemplar ist das Segment Anything Model (**SAM**) von Meta AI [119] (siehe Abb. 2.3). Es besteht aus einem Bild-Encoder, einem Prompt-Encoder und einem Masken-Decoder. Als Bild-Encoder dient ein Vision Transformer [120], mit Vortraining als Masked Auto Encoder [121] und zusätzlichem Training für höhere Bildauflösung. Der Prompt Encoder ist mehrstufig. Ein angelernter Positional Encoder generiert Repräsentationen aus Positions-Nutzereingaben wie Punkten und Boxen. Für textuelle Prompts wird der Encoder des CLIP [122] Models genutzt. Außerdem werden Bildfaltungen als Encoder auf Masken-Nutzereingaben angewandt. Mithilfe dieser Encoder wird dem Modell eine Repräsentation von dem zu segmentierenden Bild und optionalen, manuellen Hinweisen auf das erwünschte Ergebnis gegeben, die bereits semantische Informationen und abstrakte Bildmerkmale beinhalten. Aus diesen Repräsentationen generiert dann der Decoder mehrere mögliche Masken mit zugehörigen Zuversichtlichkeiten, aus denen ein finales Segmentierungsergebnis ausgewählt wird.

SAM wurde bereits für viele explizite Mikroskopie-Zelldaten Anwendungen angepasst [123, 124, 125]. Auch für bestehende biologische Segmentierungsanwendungen, wie etwa Cellpose[126], wurde **SAM** auf Zelldaten angepasst [127]. Dieser *Fine-tune* nennt sich CellposeSAM. Er kombiniert den Bild-Encoder von **SAM** mit dem *Flow*-Segmentierungsansatz von Cellpose. Dabei generiert der Bild-Encoder direkt Vekotoren, die Zwischenrepräsentationen, die sogenannten *Flows*, darstellen. Diese *Flows* werden pixelweise zu einem Gradientenfeld überführt. Mithilfe der Gradienten werden Objektinstanzen vorhergesagt. Abb. 2.4 zeigt diesen Ablauf als Diagramm.

Deepcell [128, 129, 130] bietet weitere Zellsegmentierungsnetze. Das Deepcell-Caliban [131]-Netz nutzt als Encoder eine EfficientNetV2L-Architektur [132], an deren Ausgabeschichten (C1C5) eine Pyramiden-Struktur zur Merkmalsfusion (P1P7) angeschlossen ist. Eine Besonderheit des Netzes ist, dass Eingabebildern zusätzlich Koordinatenkarten hinzugefügt werden. Als Decoder dienen drei Segmentierungsköpfe, die verschiedene Transformationen der gelabelten Trainingsmasken vorhersagen.

In der Literatur sehr verbreitet ist außerdem das nnU-Net [133], ein Segmentierungsframe-

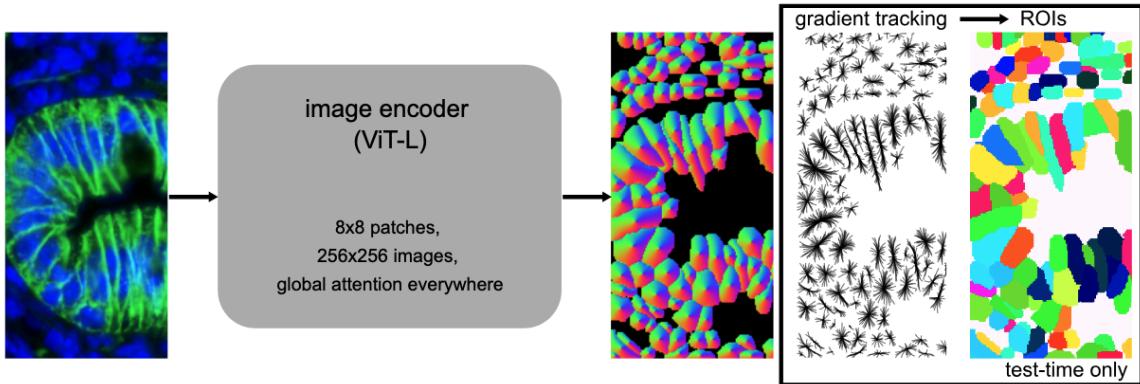


Abb. 2.4 | Ablauf des CellposeSAM-Modells. Eingabebilder werden durch einen Bild-Encoder (ViT-L) direkt zu sogenannten *Flows* umgeformt, einer Repräsentation von vorhergesagten Objektmerkmalen, deren Wert von der relativen Position innerhalb des detektierten Objekts abhängt. Die Gradienten der Flows werden verfolgt (gradient tracking) und aus dem daraus entstehenden Gradientenfeld werden Segmentierungsinstanzen (ROIs) vorhergesagt [127].

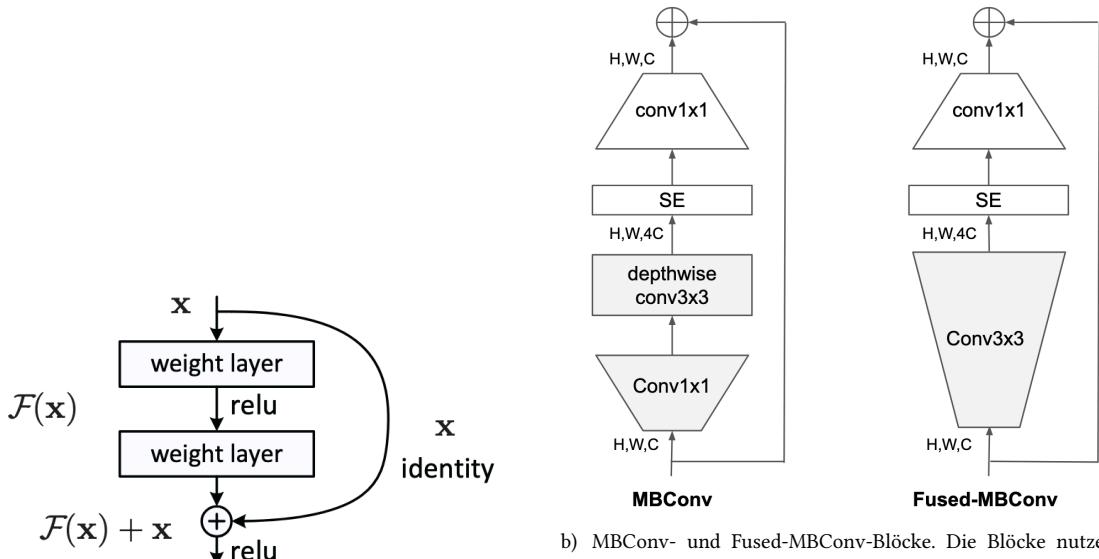
work, das sich automatisch an neue biomedizinische Aufgaben anpasst. Es konfiguriert Vorverarbeitung, Netzwerkarchitektur, Training und Nachbearbeitung dynamisch auf Basis der Eigenschaften des jeweiligen Datensatzes. Die Leistungsfähigkeit des Ansatzes ergibt sich nicht aus einer neuen Architektur oder Lernmethode, sondern aus der konsequenten Automatisierung und Systematisierung von Entwurfsentscheidungen.

2.3.3 Klassifikator

Für Klassifikatoren werden in der Regel nur Encoder vorgenommen, der Decoder muss an die Klassen des vorliegenden Problems angepasst werden [93, 113, 134]. State-of-the-Art für Bild-Encoder sind **CNNs** oder **ViTs**, die auf dem ImageNet [135] Datensatz vorgenommen werden [136, 137]. Klassifikatoren profitieren stark von ImageNet-Vortraining [138, 139]. **ResNet** ist ein Residual Neural Network, ein **CNN** mit sogenannten residual connections [140]. Diese residual connections verbinden den Ein- und Ausgang modularer Faltungsschichten und verbessern die Leistungsfähigkeit tiefer neuronaler Netze [141, 140, 142] (siehe Abb. 2.5a). In ihrem Paper stellen die Autoren fünf unterschiedlich tiefe Varianten der **ResNet**-Architektur vor. Jede Variante enthält fünf Blöcke mit residual connections. Die Blöcke bestehen aus Faltungen mit verschiedenen Kernelgrößen und Strides, Batch normalization [143] und der ReLU [144] Aktivierungsfunktion.

EfficientNetV2 ist ein Nachfolger der EfficientNet-Modellfamilie [145, 132]. Die Architektur basiert auf modularen Blöcken von Bildfaltungsoperatoren mit besonders kleinen Faltungskernen und Squeeze-and-Excitations, genannt MBConv [146, 145] und Fused-MBConv [147] (siehe Abb. 2.5b).

ConvNeXt [148] ist eine **CNN**-Modellfamilie mit besonders großen Faltungskernen. Die **ConvNeXt**-Architektur umfasst fünf modulare Blöcke mit Faltungen und residual connections, wie die ResNet-Architektur [140]. Allerdings verändert dabei **ConvNeXt** einige Details der ResNet Architektur, wie beispielsweise die GeLU Aktivierungsfunktion [149]



a) Residual connection. Der Eingang des modularen Blocks ist mit dem Eingang direkt verbunden [140].

b) MBConv- und Fused-MBConv-Blöcke. Die Blöcke nutzen neben einer residual connection auch Faltungsschichten und Squeeze-and-Excitation, um die Datendimension zu erhöhen [132].

Abb. 2.5 | Diagramme a) der Residual Connections und b) MBConv-Blöcke und Fused-MBConv-Blöcke.

und Layer normalization [30].

Swin Transformer [23] ist eine beliebte Modellfamilie von ViTs. Ihr Nachfolger, die **Swin Transformer V2** [150], vergrößert die Modelle noch. Die Architektur kombiniert Bildausschnitte mit einem Positions-Bias. Hierzu werden ein Bildfenster z und dessen relativen Koordinaten im Bild Δx und Δy in einem Attention-Mechanismus zusammengeführt. Die Positionen werden in einem MLP-Netz verarbeitet, während das Bildfenster mit drei verschiedenen Gewichtsmatrizen multipliziert wird. Mithilfe einer Kosinus-Ähnlichkeitsfunktion, der Softmax-Funktion [151] und elementweiser Multiplikation sowie Addition werden diese Ergebnisse in einen Merkmalsraum überführt. Zwei Layer normalization [30] Schichten, ein weiteres MLP-Netz und residual connections vervollständigen anschließend den modularen **Swin Transformer V2** Block. Dieser Aufbau ist in Abb. A.1 dargestellt.

2.4 Offene Probleme

Einzelne Myotuben können durch kein Segmentierungsmodell der Literatur instanzsegmentiert werden. Selbst für Experten sind in dichten Strukturen Instanzen von Myotuben nicht immer eindeutig trennbar. Nicht viele Segmentierungsmodelle für Nuclei sind erhältlich, besonders für dreidimensionale Daten. Die verfügbaren Modelle verhalten sich unterschiedlich bei verschiedenen Datensätzen und ihre Eignung für bestimmte Aufgaben muss für jede Anwendung individuell geprüft werden. Außerdem gibt es für die spezifischen Aufnahmebedingungen und Marker der **TODO Daten kurz Beschreiben** Daten keinen angepassten Klassifikator. Der Erfolg von einem Übertrag verschiedener vorgeführter Encoder und etablierter Methoden auf die vorliegenden Daten ist unvorhersehbar,

da sich die gelernten Merkmalsräume eventuell nicht für die Klassifikation der neuartigen dreidimensionalen Daten eignen. Eine weitere Fragestellung ist deshalb, wie Methoden der Klassifikation mit der Kombination der Marker umgehen. Für jeden Datensatz mit neuen Zellkernklassen und Aufnahmebedingungen muss für optimale Klassifikatorleistung nicht nur ein neues Modell trainiert werden, sondern auch Methoden- und Hyperparameter-optimierung durchgeführt werden. Des Weiteren ist der Umgang mit dreidimensionalen Daten, besonders in Umgebungen ohne große Rechenleistung ein offenes Problem. Verschiedene Lösungen existieren, um dreidimensionale Daten mit Expertenwissen zu versehen. Diesen Lösungen fehlt bislang, ein Arbeitsablauf der Daten unmittelbar segmentiert und vorbereitet, um relevante Bildausschnitte direkt aus dem Datensatz zu extrahieren, sodass Experten ausschließlich annotieren müssen.

2.5 Zielsetzung

Im Zuge der vorliegenden Arbeit soll die automatische Extraktion von interpretierbaren Eigenschaften der Myotubenkulturen ermöglicht werden. Zu diesem Ziel bearbeitet die vorliegende Arbeit Zwischenziele und liefert Folgendes:

- Es soll ein Segmentierungsmodell gefunden werden, das die Eigenschaften der Nuclei in den vorliegenden, dreidimensionalen Daten besonders wenig durch Segmentierungsfehler verfälscht. Dazu wird ein neues Bewertungskriterium für Instanzsegmentierung eingeführt und auf einige etablierte Modelle angewandt.
- Das Segmentierungsmodell soll dann genutzt werden, um außerdem einen Ablauf zu schaffen, in dem Experten die Klassen der Nuclei besonders zeiteffizient annotieren können, um einen Klassifikator zu trainieren. Durch das Anreichern der dreidimensionalen Daten durch die Segmentierungsmasken und durch automatisches Fokussieren einzelner Nuclei soll sowohl die Rechenzeit optimiert werden als auch der Aufwand einzelne Nuclei entlang drei Dimensionen zu suchen, eliminiert werden. Hierzu wird eine neue Anwendung entwickelt, die 3D-Zelldaten liest und dann eine Oberfläche zum Annotieren bereitstellt.
- Die entstehenden Annotationen sollen direkt in einen Trainingsablauf für Klassifikatoren eingebunden sein. Hierbei müssen Klassifikatoren mit dreidimensionalen Daten von variierender Tiefe umgehen können. Ein ausführlicher Methodenvergleich verschiedener Encoder, Decoder, Vorverarbeitungsmethoden und auch Vortrainingsmethoden soll für Nutzer*Innen ohne Programmierkenntnisse ermöglicht werden. Dazu wird eine neue Anwendung entwickelt, die die zuvor erstellten Annotationen und Segmentierungsmasken nutzt um einen Klassifikator zu trainieren. Nutzer*Innen können in einer grafischen Oberfläche verschiedene Methoden zum Vergleich auswählen und in einem automatischen Prozess werden Klassifikatoren aller Kombinationen trainiert und verglichen.

- Außerdem sollen die ausgelesenen Eigenschaften der eingegebenen Zelldaten leicht zugänglich sein. In einer weiteren neuen Anwendung werden automatisch die Voraussagen des Klassifikators mit dem besten Ergebnis im Methodenvergleich genutzt, um Nutzer*Innen Graphen mit den Eigenschaften der Zellkultur darzubieten.
- Zuletzt sollen alle neu entwickelten Module zu einer Gesamtanwendung zusammengefasst und getestet werden. In einer Parameterbestimmung wird das Optimum explizit für die vorliegenden Aufnahmen mithilfe der neuen Anwendung bestimmt.

Neues Konzept 3

3.1 Überblick

Das nachfolgende Kapitel beschreibt und diskutiert das angewandte Konzept der vorliegenden Thesis im Detail. Es behandelt die selbstentwickelten Beiträge zu den Methoden. Die Methodik wird in einer Anwendung umgesetzt die 3D-Daten als Eingabe annimmt und interpretierbare Eigenschaften wie die Verteilung der Klassen und Volumen der anwesenden Nuclei ausgibt. Die Anwendung kann regulär angewandt (Inferenz) oder optimiert werden (Optimierung). **TODO anpassen!** Zuerst wird ein neu entwickeltes Bewertungskriterium für Segmentierungsmodelle beschrieben. Dieses Kriterium wird eingeführt, um die Eignung von Segmentierungsmodellen zum Extrahieren interpretierbarer Merkmale, wie Zellkernanzahlen oder -volumina zu bewerten. Darauf folgen Beschreibungen von Klassifikatormethoden. Die Methoden umfassen Architekturen von Encodern und Decodern, sowie Methoden der Vorverarbeitung und des Vortrainings. Es werden sowohl Anwendungen bestehender Methoden, als auch neu entwickelte Ansätze eingeführt. Ziel dieser Methoden ist es, die Optimierung eines Klassifikators für individuelle, dreidimensionale Zelldaten in einem standardisierten Ablauf zu ermöglichen. Verschiedene Kombinationen der eingeführten Methoden werden beispielhaft auf die Daten der vorliegenden Arbeit angewandt und die dabei entstehenden Klassifikatoren werden bezüglich ihrer Genauigkeit auf einem separaten Validierungsanteil des Datensatzes verglichen.

3.2 Bewertungskriterien

Zur Wahl des Segmentierungsmodells wird ein neues Bewertungskriterium eingeführt und auf einem annotierten Datensatz getestet. Als Datensatz wird aus den in Kapitel 2.3.1 vorgestellten Benchmarks der S-BIAD1518 [103, 104] genutzt, da dieser nicht in den Trainingsdaten eines zu testenden Segmentierungsnetz vorkommt. Im Gegensatz zu selbstentwickelten synthetischen Daten weicht die Bilddomäne dieses Benchmarks zwar stärker von der Domäne der Zieldaten ab, aber dafür sind die Daten an eine Veröffentlichung mit standardisiertem Peer-Review-Prozess gebunden.

Die Aufgabe des Bewertungskriterium ist es, zu quantifizieren, wie gut sich eine vorliegende Instanzsegmentierung eignet, um reale Eigenschaften einer Aufnahme, wie die Zellkernanzahl, Größe der Zellkerne und Verteilung der Zellkernarten auszuwerten. Das neu entwickelte Kriterium ist eine Abwandlung der Panoptic Quality ([PQ](#)) [56], die hier [IPQ](#) genannt wird. Durch standard [PQ](#) wird die Intersection over Union ([IoU](#)) für individuelle

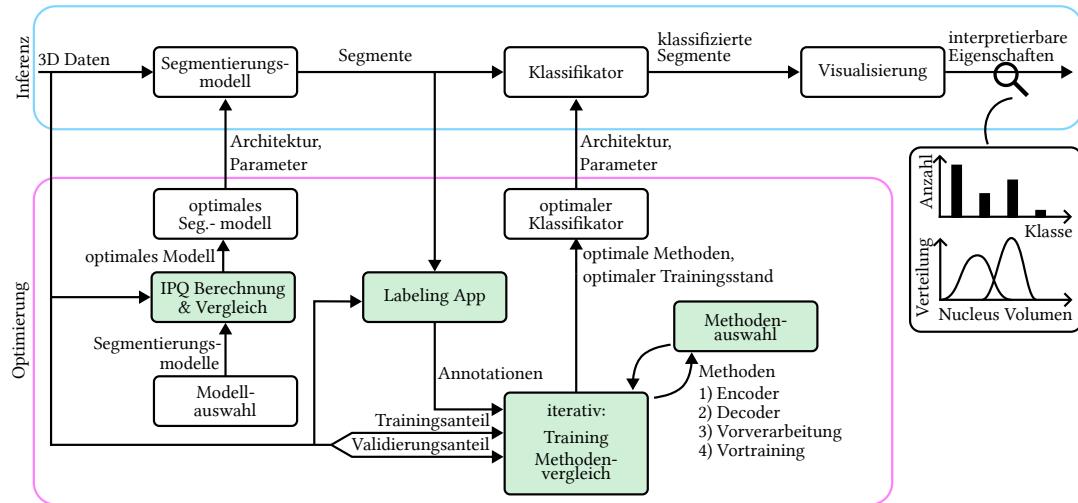


Abb. 3.1 | Aufbau der Anwendung der vorliegenden Arbeit. Die Anwendung kann regulär angewandt (Inferenz) oder optimiert werden (Optimierung). Bei der Inferenz werden 3D-Daten von der Anwendung als Eingabe angenommen und interpretierbare Eigenschaften wie die Verteilung der Klassen und Volumen der anwesenden Nuclei werden ausgegeben. Zur Optimierung werden die 3D-Daten in den Ablauf für den Vergleich der Segmentierungsmodelle oder der Klassifikatormethoden eingegeben. Für den Vergleich der Segmentierungsmodelle wird mit verschiedenen Modellen das neu eingeführte Bewertungskriterium Injektive Panoptische Qualität (**IPQ**) berechnet. Dieses Bewertungskriterium quantifiziert die Eignung der Segmentierungsmodelle zur Extraktion der gewünschten Eigenschaften. Mithilfe der **IPQ**-Werte wird ein optimales Segmentierungsmodell gewählt. Die Architektur und die Parameter des optimalen Model werden in den Ablauf der Anwendung eingesetzt. Um die Klassifikatormethoden zu optimieren werden die Daten und die Segmente in die neu entwickelte Labeling-App eingegeben. Die Labeling-App ermöglicht das zeiteffiziente Annotieren von Nuclei, indem die relevanten Bilddausschnitte automatisch anhand der Segmente extrahiert werden. Mit den erstellten Annotationen und den 3D-Daten werden verschiedene Klassifikatoren trainiert. Diese Klassifikatoren ergeben sich aus Kombinationen der verfügbaren Klassifikatormethoden. Die Klassifikatormethoden umfassen 1. Encoderarchitekturen, 2. Decoderarchitekturen, 3. Vorverarbeitungsmethoden und 4. Vortrainingsmethoden. Unter den Methoden sind sowohl etablierte, als auch neu entwickelte Ansätze. Anhand der Genauigkeit der trainierten Klassifikatoren auf einem separaten Validierungsanteil des Datensatz werden die Methoden verglichen und eine optimale Konfiguration ausgegeben. Die Architektur und die Parameter dieser Konfiguration werden dann in den Ablauf der Applikation eingesetzt.

Instanzen bewertet und es werden **FP** sowie **FN** Detektionen bestraft. Zusätzlich sollen durch einen neuen Faktor Verletzungen der injektiven Abbildung von segmentierten Nuclei auf die Instanzen der Annotation negativ bewertet werden, da die genaue Anzahl der Nuclei eine bedeutungsvolle Metrik für Nutzer*Innen ist. Für die Berechnung wird im ersten Schritt der nachfolgende Brute Force Algorithmus angewandt, der die Zuordnung von Segmentierungsinstanzen zu Annotationsinstanzen durchführt.

Die nachfolgende Formel zeigt das **IPQ** Bewertungskriterium unterteilt in die 3 Aufga-

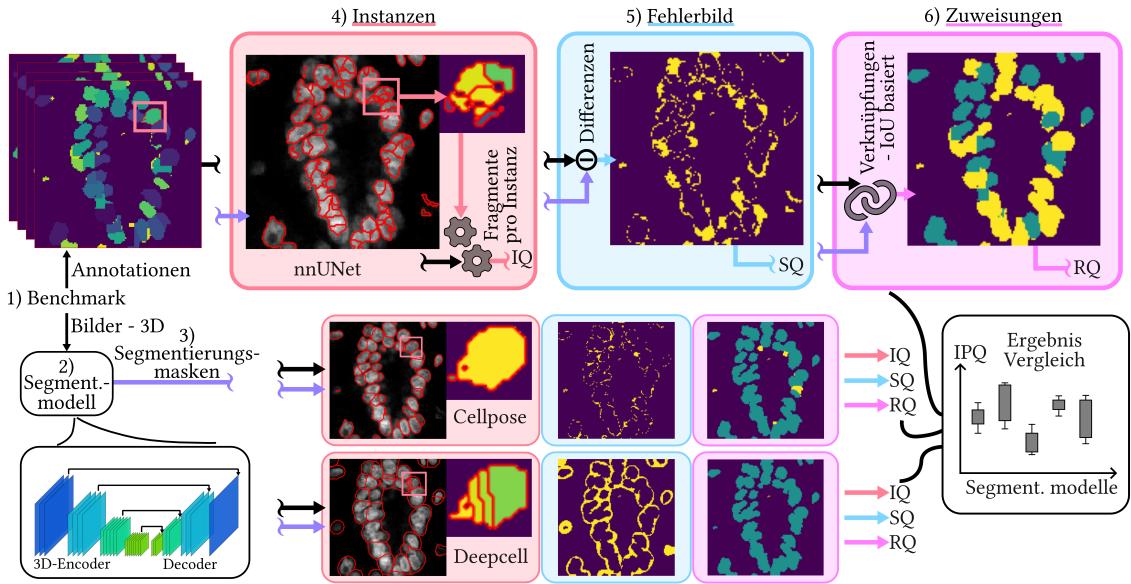


Abb. 3.2 | IPQ Visualisierung - Das obere Ablaufdiagramm stellt den Prozess dar, durch den das Segmentierungsnetz gewählt wird, das für die Anwendung der vorliegenden Arbeit eingesetzt wird. Ein peer-reviewed Benchmark-Datensatz aus dreidimensionalen Bildern (1) von diversen Zellkulturen mit dazugehörigen Ground Truths wird links eingegeben. Das zu bewertende Segmentierungsmodell (2) führt eine Inferenz für die Bilder des Benchmark aus, um Segmentierungsmasken (3) bereitzustellen. Die entstehenden Masken werden dann zur Berechnung der neu eingeführten IPQ (siehe Kapitel 3.2) eingesetzt. Der Ablauf der Bewertung ist dreigeteilt. Aus jeder Maske werden zuerst die einzelnen Fragmente extrahiert, die sich mit einer einzelnen Instanz der Annotation überlagern (4). Außerdem wird ein Fehlerbild als die logische XOR-Fläche der Maske und der Annotation dargestellt (5), als Platzhalter für die Berechnung der Intersection over Union. Zuletzt wird ein Zuweisungsbild erstellt, das die True Positives (TPs), False Positives (FPs) und False Negatives (FNs) festhält (6). Durch Vergleiche der Ergebnisse verschiedener Modelle kann dann das optimale Segmentierungsnetz für die Anwendung gewählt werden.

ben:

$$\text{IPQ} = \underbrace{\frac{k_1 \times \sum_{(p,g) \in TP} \text{IoU}\left(\bigcup_{p_i \in p} p_i, g\right)}{|TP|}}_{\text{Segmentierungs-Qualität (SQ)}} \times \underbrace{\frac{k_2 \times |TP|}{|TP| + \frac{1}{2}|FP| + \frac{1}{2}|FN|}}_{\text{Recognition Qualität (RQ)}} \times \underbrace{\frac{k_3 \times |GT|}{\sum_{p \in P} (\max(1, n_p - 1))}}_{\text{Injektivitäts-Qualität (IQ) (neu)}}, \quad (3.1)$$

wobei:

- k_1, k_2, k_3 Optionale Vorfaktoren zur Gewichtung der drei Teile der Metrik sind,
- TP die Menge aller (p, g) -Tupel ist, wobei g eine Annotationinstanz und p der Vektor aller zugehörigen Segmentierungsinstanzen ist,

Algorithm 1 Beste Annotation-Zuordnung für jede Segmentierungsinstanz

Eingabe: $maske_{\text{Vorhersage}}$, $maske_{\text{Annotation}}$

Ausgabe: $annotation_{\text{opt}}$, IoU_{opt}

Für id_{Instanz} in $|maske_{\text{Vorhersage}}|$ tue

$Instanz \leftarrow maske_{\text{prediction}}[id_{\text{Instanz}}]$

Für $annotation$ in $maske_{\text{Annotation}}$ tue

$IoU \leftarrow IoU(annotation, Instanz)$

 Wenn $IoU > IoU_{\text{opt}}[id_{\text{Instanz}}]$ dann

$IoU_{\text{opt}}[id_{\text{Instanz}}] \leftarrow ioU$

$annotation_{\text{opt}}[id_{\text{Instanz}}] \leftarrow annotation_id$

 EndeWenn

EndeFür

EndeFür

Rückgabe gt_{opt} , IoU_{opt}

- $|TP| \in \mathbb{Z}$ die Anzahl an korrekt erkannten Instanzen bezeichnet, also Annotationsinstanzen mit $\text{IoU} > 0,5$,
- $\text{IoU}(\bigcup_{p_i \in p} p_i, g) \in [0, 1]$ die IoU zwischen allen Segmentierungsinstanzen p_i in der TP-Instanz p und der zugehörigen Annotationsinstanz g beschreibt,
- $|FP| \in \mathbb{Z}$ die Anzahl an falsch-positiven Segmentierungen ist, d. h. vorhergesagte Instanzen ohne Annotationsentsprechung,
- $|FN| \in \mathbb{Z}$ die Anzahl an nicht erkannten Annotationsinstanzen ist, also Annotationsinstanzen ohne zugehörige Vorhersage,
- $|GT| \in \mathbb{Z}$ die Anzahl der Annotationsinstanzen ist,
- P die Menge aller Segmentierungsinstanzen ist, ungeachtet der Annotationszuordnung,
- $p \subseteq P$ ein Vektor aller Segmentierungsinstanzen, die der gleichen Annotationsinstanz zugeordnet sind, ist,
- n_p die Dimension des Vektors p ist,
- $SQ \in [0, 1]$ ein Faktor ist, der die Qualität der Segmentierung anhand der IoU von der segmentierten und der erwarteten Instanz vergleicht,
- $RQ \in [0, 1]$ ein Faktor ist, der bewertet, wie vollständig und das Segmentierungsnetz die vorhandenen Nuclei gefunden hat und, ob es dabei zu Halluzinationen kam,
- $IQ \in [0, 1]$ ein Faktor ist, der das Unterteilen von Nuclei durch das Segmentierungsnetz zu bestrafen. Wird ein Nucleus durch mehrere Instanzen der Segmentierungs-maske dargestellt, wird n_p größer als eins und der Faktor sinkt,

- IPQ $\in [0, 1]$ ein Maß für die panoptische Segmentierungsqualität mit der Voraussetzung von injektiver Abbildung der Segmentierungsmasken-Instanzen auf die Annotationsinstanzen darstellt, wobei höhere Werte bessere Übereinstimmung bedeuten,

3.3 Klassifikator

Jedem instanzsegmentierten Nucleus muss eine Klasse zugewiesen werden, um die Ausgabe zur panoptischen Segmentierungsmaske zu erweitern. Erst die panoptische Segmentierungsmaske ermöglicht das automatische Extrahieren interpretierbarer Eigenschaften aus den Daten. Nuter*Innen der vorgestellten Methoden wird mit dieser panoptischen Maske und den extrahierten Eigenschaften der Kultur ein klarer Überblick über den Status der Zellkultur geboten.

Für die Klassenzuweisung ist ein Klassifikator notwendig, der einen Bildausschnitt mit einer Nucleus-Instanz als Eingabe annimmt und ihr eine der vier Klassen als Ausgabe zuweist. Um diesen Klassifikator optimal zu entwerfen, wird ein umfangreicher Benchmark aus den Zieldaten erstellt, mit dem die vorgestellten Methoden verglichen werden. Benchmarks aus der Literatur umfassen weder dieselben Klassen noch dieselben Objektmerkmale, deshalb wird ein eigener, kein etablierter Benchmark verwendet. Für das Training wird einheitlich der Adam-Algorithmus [152] mit einer Lernrate von 0.0001 eingesetzt. Außerdem wird der Cross-Entropy-Loss [33] verwendet. Aus den annotierten Bilddaten werden für jede Anwendung ein Test- und ein Trainingsanteil im Verhältnis eins zu neun extrahiert. Alle betrachteten Variationen des Klassifikators werden ausschließlich mit den Trainingsdaten trainiert und ihre Leistung ausschließlich mithilfe der Testdaten getestet. Beide Anteile des Datensatzes werden durch Augmentierung erweitert und in Batches zusammengefasst. Zur Datenaugmentierung werden die folgenden Methoden eingesetzt:

- **Rotation:** Mit einer Wahrscheinlichkeit von 50% werden die Eingabedaten um 90° in der XY-Ebene rotiert.
- **Spiegelung:** Ebenfalls mit einer Wahrscheinlichkeit von 50% erfolgt eine Spiegelung entlang der Z-Achse.
- **Gaußsches Rauschen:** Mit einer Wahrscheinlichkeit von 20% wird Rauschen mit einem Mittelwert von 0 und einer Standardabweichung von 0,01 hinzugefügt.

Prominente Encoder aus der Literatur werden vergleichend eingesetzt. Darüber hinaus werden hier verschiedene Methoden der Vorverarbeitung, des Vortraining und der Decoderarchitektur eingeführt und verglichen. Im Folgenden sind diese Methoden einzeln beschrieben. Da jede mögliche Kombination mit jedem Netz zu trainieren einen unausführbar hohen Rechenaufwand bedeutet, wird eine Vorauswahl von Kombinationen getroffen.

3.3.1 Encoder

Tab. 3.1 zeigt die verschiedenen Encoder, die hier eingesetzt werden. Bis auf das Segmentierungsmodell CellposeSAM handelt es sich dabei um Encodern, die aus Klassifikatoranwendungen, die auf dem ImageNet-Datensatz [135] vorgenommen wurden, stammen. In der Tabelle sind die Namen, Anzahl der Parameter und, falls vorhanden, die Top-1-Genauigkeit (Acc@1) und die Top-5-Genauigkeit (Acc@5) auf dem ImageNet Datensatz angegeben.

Tab. 3.1 | Vergleich der sechs vorgenommenen Netze hinsichtlich Genauigkeit auf dem ImageNet-Datensatz [135] und der Anzahl an Parametern. Angegeben sind sowohl die Top-1-Genauigkeit (Acc@1) als auch die Top-5-Genauigkeit (Acc@5), also ob die korrekte Klasse unter den besten 1 bzw. 5 Vorhersagen enthalten ist.

Name	Acc@1 (ImageNet)	Acc@5 (ImageNet)	Params (M)
ResNet18	69.76%	89.08%	11.7
ResNet101	77.37%	93.55%	44.5
Swin V2	84.11%	96.87%	87.9
ConvNeXt	84.41%	96.98%	197.8
EfficientNet V2	85.81%	97.79%	118.5
CellposeSAM	-	-	305

3.3.2 Vorverarbeitung

Da in vielen Bilddaten Nuclei sehr nah aneinander liegen und dem Klassifikator signaliert werden müssen, welcher der sichtbaren Nuclei klassifiziert werden soll, werden für jeden Klassifikator zwei verschiedene Eingangsdaten-Formate getestet. Diese Typen unterscheiden sich in der Art, wie die Segmentierungsmaske des zu klassifizierenden Nucleus dem Klassifikator zugänglich gemacht wird. Daten des ersten Typs ersetzen den Nucleus-Kanal mit der Segmentierungsmaske des gesuchten Nucleus. Das Ziel ist dabei, das Risiko zu minimieren, dass umliegende Nuclei das Klassifikationsergebnis verfälschen. Mit dieser Risikominimierung geht allerdings der Verlust der Oberflächenmerkmale einher. Außerdem ist das Klassifikationsergebnis bei dieser Vorverarbeitungsart von der Qualität der Segmentierung abhängig. Für Daten des Typs zwei wird der Nucleus-Kanal mit einer Entfernungsmaske skaliert. Hierzu wird pixelweise der originale Nucleus-Kanal mit einer Transformation des Abstandes aller Pixel außerhalb der Segmentierungsmaske wie folgt multipliziert:

$$I'(x) = I(x) \cdot \exp\left(-\frac{1}{\sigma} \min_{y \in \neg M} \|x - y\|_2\right), \quad (3.2)$$

wobei:

- $I(x) \in [0, 1]$ der Intensitätswert des Nucleus Kanal an der Position x ist,
- $I'(x) \in [0, 1]$ der Intensitätswert des neuen, transformierten Nucleus Kanal an der Position x ist,

- $x \in \Omega \subset \mathbb{N}^3$ die Position eines Voxels im diskreten Bildraum ist,
- $M \subseteq \Omega$ die Segmentierungsmaske und $\neg M = \Omega \setminus M$ deren Komplement im Bildraum sind,
- und $\sigma \in \mathbb{R}^+$ ein Parameter zur Steuerung des exponentiellen Abfalls ist.

Die Verwendung des Typs zwei hat zum Ziel, dass die Oberflächenmerkmale des Nucleus erhalten bleiben. Außerdem wird mit der Vorverarbeitung des zweiten Typs der Einfluss der eventuell fehlerhaften Segmentierungsmasken durch die kontinuierliche Abstands- transformation minimiert. Allerdings ist hierdurch auch das Risiko von Einflussnahme auf das Klassifikationsergebnis durch umliegende Nuclei nicht vollständig eliminiert, sondern nur vermindert. Im Folgenden sind die Nuclei-Kanäle der verschiedenen Methoden dargestellt.

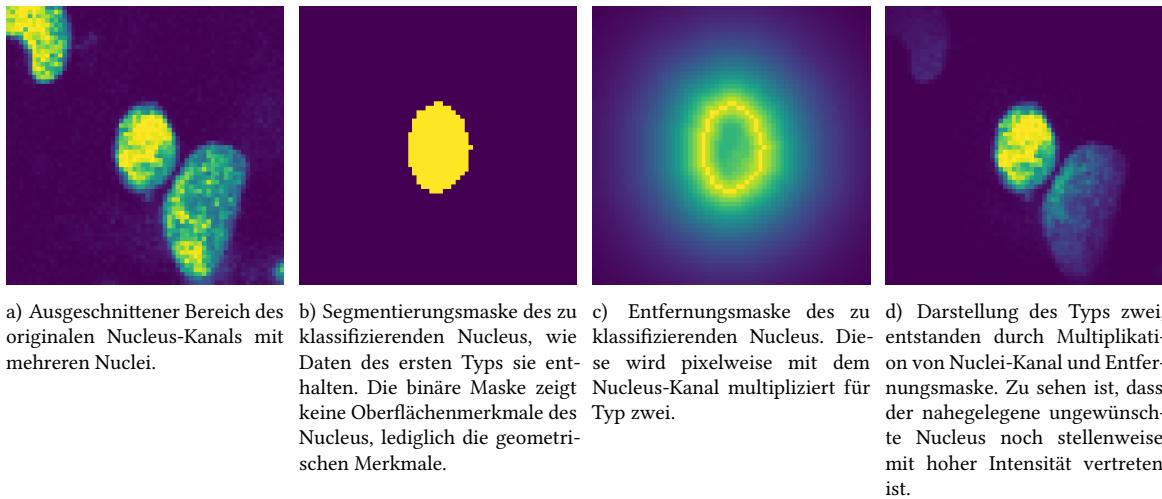


Abb. 3.3 | Darstellungen der verschiedenen Typen von Eingangsdaten. Jeder Typ zielt auf eine andere Art darauf ab, dem Klassifikator zu signalisieren, welcher der sichtbaren Nuclei zu segmentieren ist.

Je nach Modellarchitektur müssen die Bilddaten noch skaliert werden, bevor sie den vortrainierten Modellen übergeben werden können, da die Klassifikatoren Eingaben konstanter Größe benötigen. Dazu wird einfache bilineare Interpolation verwendet.

3.3.3 Vortraining

Aus der Literatur sind verschiedene Methoden des Vortraining bekannt. Hier werden:

- Kein Vortraining,
- semi-supervised, und
- fully-supervised Vortraining

betrachtet. Die Abb. 3.4 zeigt die hier umgesetzten Methoden.

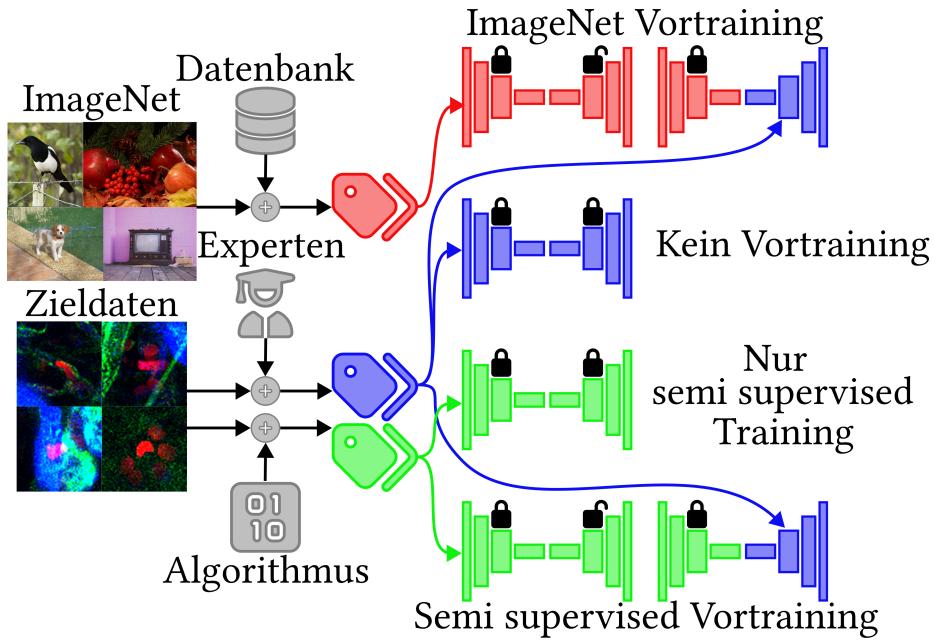


Abb. 3.4 | Übersicht über die Vortrainingsmethoden. Links zu sehen sind die beiden verfügbaren Bildermengen, ImageNet und die Zieldaten. Rechts von diesen Bildermengen werden diesen Bildern Annotationen hinzugefügt, entweder durch die ImageNet-Datenbank, Experten oder einen Algorithmus. Jeder Encoder (linke Seite eines Netzwerks) und jeder Decoder (rechte Seite eines Netzwerks) wird mit einer dieser drei Label-Mengen trainiert. Die Farbe der Label und des Netzwerks zeigt dabei die Zuordnung. Mit offenen oder geschlossenen Schlössern über den En- und Decodern ist dargestellt, ob die Gewichte eingefroren werden. Vier verschiedene Versionen jedes Klassifikators werden hier trainiert. Das erste Netzwerk wird auf den ImageNet-Daten vorgenommen. Anschließend wird mit Experten-Labels der Decoder neu trainiert. Das Zweite erhält kein Vortraining, es ist komplett mit den Zieldaten trainiert. Für das dritte Netzwerk werden lediglich die Label des semi supervised Algorithmus eingesetzt. Die letzte Variante wird semi supervised vorgenommen und anschließend mit den Zieldaten fine-tuned.

Kein Vortraining Ohne Vortraining startet der Encoder, der den Großteil der Gewichte umfasst, mit zufällig initialisierten Werten. Da diese zufälligen Werte keine sinnvollen Merkmale extrahieren, wird ein besonders langes Training mit den Zieldaten durchgeführt. Jedes Modell wird jeweils für 75 Epochen trainiert.

Semi supervised Die semi supervised Annotationen werden mithilfe eines few-shot gestützten Cluster Algorithmus erstellt. Ein Experte erstellt hierzu Annotationen von wenigen Nuclei. Danach werden aus den restlichen Segmentierungsmasken einige Merkmale generiert und zu einem Vektor zusammengefasst. Zuerst werden das Volumen, die Oberfläche und die Achsenlängen jedes Nucleus direkt bestimmt. Außerdem wird die Exzentrizität aus dem Verhältnis der längsten und der kürzesten Achse berechnet. Für die Kompaktheit wird das Volumen der Maske durch die kleinste mögliche Begrenzungsbox geteilt. Darüber hinaus wird aus der Z-Schicht, in der die Segmentierungsmaske am größten ist, die 2D-Kontur erfasst. Aus dieser Kontur wird eine komplexe Zahlenfolge berechnet und der Absolutwert der ersten zehn Koeffizienten als einzelne Merkmale dem Merkmals-

vektor hinzugefügt.

Die entstehenden Merkmalsvektoren werden durch eine Standardisierung der Werte zu einem Mittelwert von Null und Varianz von Eins überführt. Daraufhin wird eine Principal Component Analysis [78] angewandt, um die Dimensionalität der Merkmalsvektoren auf zehn zu reduzieren und redundante Informationen zu entfernen. Das Ziel dabei ist es, einen Mittelweg zwischen Informationserhalt und Overfitting-Gefahr sowie Rechenaufwand zu erzielen. Mithilfe des Label Spreading-Algorithmus [85], mit einer Radial Basis Funktion [86] als Kernelfunktion, werden die Experten-Annotationen über die Struktur der Daten auf alle Stichproben ausgebretet. Durch den Algorithmus entstehen Annotationen für die Daten ohne Experten-Annotationen. Diese neuen Annotationen werden dann eingesetzt, um in 25 Epochen sowohl die Encoder, als auch die Decoder zu trainieren, mit dem Ziel unter geringem Aufwand für die Experten umfangreiche Klassifikatoren zu trainieren. Optional werden die Gewichte des Encoder hiernach, bis auf die letzten beiden Schichten eingefroren und nur der Encoder wird in weiteren 35 Epochen mit dem Trainingsdatensatz der Zieldaten trainiert. Das Ziel dieses Vorgehens ist es, eine stärkere Generalisierung zu erreichen, indem Overfitting bei der Merkmalsextraktion vermieden wird. Da der Encoder mit anderen Daten vortrainiert wird, ist zu erwarten, dass er eine sinnvolle Merkmalsextraktion lernt, ohne auf die expliziten Merkmale der individuellen Stichproben im Trainingsdatensatz angewiesen zu sein. Dadurch sind die Beziehungen zwischen Merkmalen und Klassen, die der Decoder lernt, nicht nur auf die Merkmale des Trainingsdatensatzes beschränkt.

Fully-supervised NOTIZ: Hier soll stehen:

- Welche Gewichte werden eingefroren?
- Wie wird dann Transfertraining durchgeführt?

3.3.4 Decoder

An die Encoder werden jeweils zwei verschiedene Decoder angehängt. Abb. 3.5 zeigt die beiden Architekturen systematisch. Der erste Klassifikator wird hier *Volumen-Klassifikator* genannt. Er interpretiert die Merkmale, die der Encoder generiert, als Volumen und generiert mithilfe von 3D-Faltungen und Pooling eine Repräsentation daraus. Diese Repräsentation wird dann durch Linear Layers zu vier Ausgabe-Klassen umgeformt. Die Idee des *Volumen-Klassifikators* ist es, die Merkmale, die der Encoder generiert, möglichst vollständig zu erfassen und alle räumlichen Beziehungen, auch in Z-Richtung, festzustellen. Hierbei ist das Ziel, dass durch die 3D-Faltungen eine domänen spezifische Interpretation der Merkmale gelernt wird, sodass die neuen Merkmale nach dem anschließenden Pooling aussagekräftig und niederdimensional sind. Daneben wird hier der *Schichten-Klassifikator* eingeführt. Der *Schichten-Klassifikator* betrachtet die einzelnen Schichten des Bilds anhand der individuellen Schichten, die der Encoder ausgibt. Dazu werden die räumlichen X- und Y-Dimensionen durch einen spatial-average zusammengefasst. Durch eine multi-head Attention mit vier Attention-Köpfen und Embedding-Dimension 256 wird dann ei-

ne Repräsentation aus den individuellen Schichten der Merkmale erstellt. Lineare Layers formen anschließend die Repräsentation zu den vier Klassen um. Für den textitSchichten-Klassifikator ist das Ziel, dass durch die Vereinfachung der Daten aussagekräftige, schichtenweise Merkmale entstehen und, dass diese räumlich invariant sind, da der betrachtete Nucleus in den Bildfenstern zentriert sind.

Auf einem geringfügigen Datensatz werden alle angeführten Methoden in den möglichen Kombinationen umgesetzt, um Vergleiche zu ermöglichen. Dieser geringfügige Datensatz besteht aus Bildern der Zieldomäne und halb automatisch generierten Annotationen. Anschließend werden die besten Methoden ausgewählt und auf den finalen Datensatz trainiert.

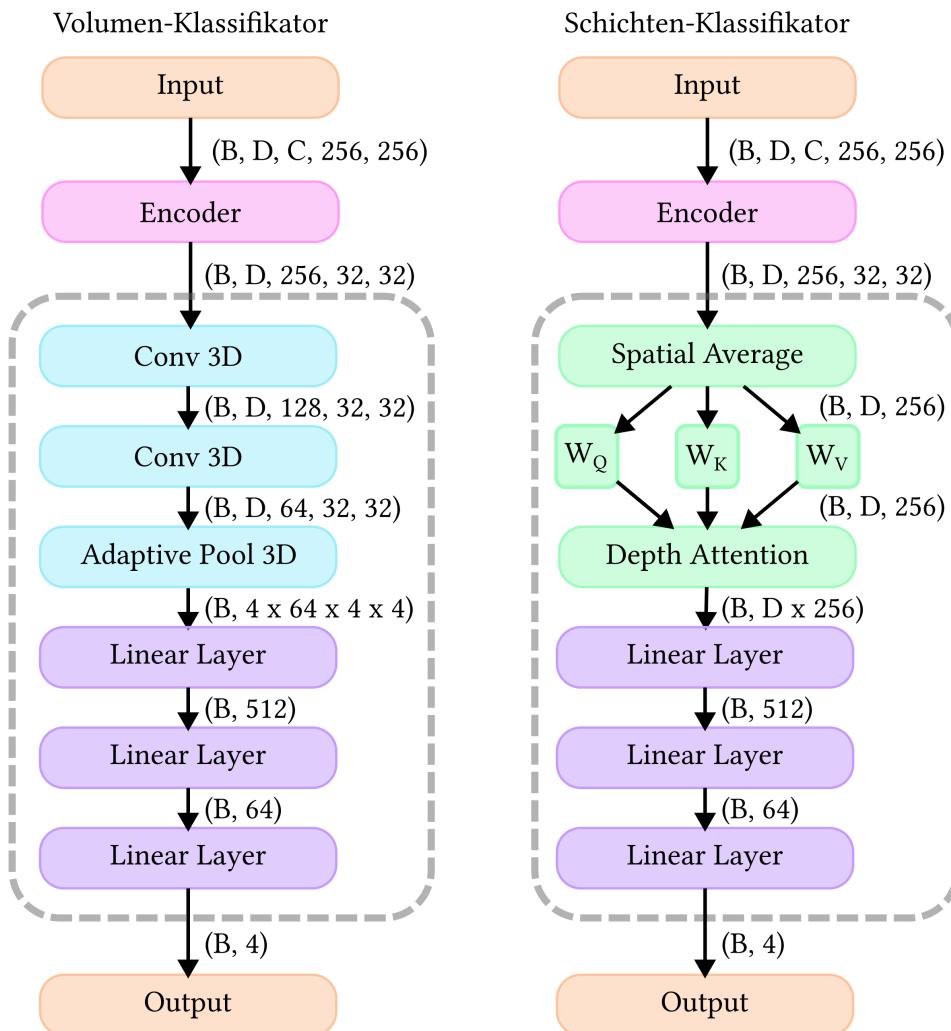


Abb. 3.5 | Architektur der beiden Klassifikatoren. Der Encoder wird bei beiden modular ausgetauscht. Links zu sehen ist die Architektur des *Volumen-Klassifikators*, der die Merkmale, die der Encoder generiert, als Volumen interpretiert und mithilfe von 3D-Faltungen und Pooling daraus eine Repräsentation generiert. Diese Repräsentation wird dann durch Linear Layers zu vier Ausgabe-Klassen umgeformt. Rechts zu sehen ist der *Schichten-Klassifikator*. Die räumlichen X- und Y-Dimensionen werden im *Schichten-Klassifikator* durch einen spatial-average zusammengefasst. Durch eine multihead Attention mit vier Attention-Köpfen und Embedding-Dimension 256 wird dann eine Repräsentation aus den individuellen Schichten der Merkmale erstellt. Lineare Layers formen anschließend die Repräsentation zu den vier Klassen um.

Implementierung 4

4.1 Überblick

Im nachfolgenden Kapitel wird die Implementierung aller relevanten Methoden erklärt. Hierbei steht die praktische Anwendung dieser Methoden in Form von Nutzerschnittstellen oder als Entwicklerskript auf ausgewiesener Hardware im Vordergrund. Eine neu entwickelte Anwendung, die 3D-Zelldaten-Pipeline vereint verschiedene Software-Module die jeweils ein Zwischenziel der vorliegenden Arbeit umsetzen. Die Anwendung wird mit einer grafischen Nutzeroberfläche bedient die auch ohne Programmierkenntnisse genutzt werden kann.

4.2 Segmentierungsmodelle

- Wie sind die Netze je eingebunden?
- Welche Vor-/Nachverarbeitung?
- Wie wird die Bewertung durchgeführt?
- Wie ist der Workflow für Nutzer*Innen

Die Segmentierungsmodelle werden zur Evaluation in einfachen Entwicklerskripts ausgeführt. Für das nnU-Net Modell werden die Eingabedaten durch padding in die geforderte Größe gebracht und zu .nii.gz Dateien umgeformt. Eine "Plan"Datei wird nach dem Vorbild des Beispiels der Autoren erstellt, die unter anderem die Anzahl der Wiederholungen, Normalisierungsart und Datensatz Eigenschaften festlegt. Das Modell wird direkt mit den Gewichten der Veröffentlichung initialisiert und über die Komandozeile auf allen Daten des S-BIAD1518 Datensatz ausgeführt. Die Ergebnisse werden ebenfalls als .nii.gz Daten gespeichert. Da die Ergebnisse Instanzen zwar trennt, aber örtlich getrennten Instanzen nicht zwingend einzigartige Label vergibt, wird als Nachbearbeitung wird ein neuer Algorithmus verwendet, der die Labels der Instanzen überarbeitet. Hierzu werden pro Label einzelne Pixel betrachtet und davon ausgehen alle Pixel mit direkter Verbindung über die Segmentierungsmaske gesucht. Diese verbundenen Pixel werden als neue einzigartige Instanz abgelegt, bis keine Pixel ohne Verbindung übrig sind.

Für das Deepcell Modell wird direkt das bereitgestellt Jupyter Notebook der Autoren auf die Benchmark Daten angewandt. Die Ergebnisse werden daraufhin mit dem Watershed

Algorithmus der OpenCV Bibliothek nachbearbeitet.

Das CellposeSAM Modell wird als Entwicklerskript weitgehend mit den vorgeschlagenen Parametern der Autoren angewandt, nur der durchschnittliche Durchmesser der Nuclei im Datensatz wird verändert. Auf die Ergebnisse wird keine Nachbearbeitung angewandt. Die Ergebnisse von jedem der drei Modelle werden in einem Jupyter Notebook eingelesen und darin durch einen greedy-Algorithmus mit den Instanzen an die Numerierung der Annotationen des S-BIAD1518 Datensatz angepasst. Mithilfe einer neu entwickelten Funktion werden die Ergebnisse mit der [IPQ](#)-Metrik bewertet. Diese Funktion ist im bereitgestellten Repository zu finden.

4.3 Klassifikatoren

- Wie sind die Netze je eingebunden?
- Welche Vor-/Nachverarbeitung?
- Welche Software Komponenten sind Teil des Trainings?
- Wie ist der Workflow für Nutzer*Innen

Für die Klassifikatoren werden vier Software-Module entwickelt. Das erste Modul nimmt als Eingabe die Kombination von Methoden, die verwendet werden sollen und gibt einen Klassifikator zurück. Mithilfe der Pytorch Bibliothek werden der entsprechende Encoder und, abhängig von der Vortrainingsmethode, entsprechende Gewichte geladen. Außerdem werden neu entwickelte Klassen von Pythorch-Modellen für das Erstellen der Decoder aufgerufen. In das zweite Modul wird die Vortrainingsmethode eingegeben und ein entsprechender Datensatz wird zurückgegeben. Dieser Datensatz wird als Pytorch Dataloader erstellt und mit einer Batch-Göße und mit Augmentierungstransformationen der Monai Bibliothek versehen. In diesen Dataloader wird mithilfe von zwei neu entwickelten Klassen eine Software-Instanz eingebettet, die es erlaubt die großen, dreidimensionalen Daten nicht alle auf einmal als Variablen im Datensatz unterzubringen, sondern nur die Indices von Bildern und Instanzen. Diese Indices werden dann genutzt um dynamisch nur die gewünschten Bildausschnitte zu laden. Um den Semi-supervised Datensatz zurückzugeben bedient sich das Modul der PCA und der LabelSpreading Funktion der SciKit Bibliothek. Das dritte Modul erhält einen Klassifikatorm und einen Datensatz und führt einen Trainingsdurchlauf durch. Es speichert die Ergebnisse und die Gewichte der neu trainierten Klassifikatoren in automatisch benannten Dateien. Im vierten Modul werden mithilfe der plotly Bibliothek Grafiken aus den eingegebenen Ergebnissen erstellt und speichert sie separat mithilfe der Matplotlib Bibliothek.

4.4 3D-Zelldaten-Pipeline

Die 3D-Zelldaten-Pipeline vereint die verschiedenen Module der vorliegenden Arbeit. In den fünf Tabs (Segmentierung, Labeling-App, Methoden Vergleich, Training und Visuali-



Abb. 4.1 | Die Abbildung zeigt die 3D-Zelldaten-Pipeline. Oben sind fünf Tabs zu sehen, mit denen die auszuführende Aufgabe gewählt werden kann. Darunter ist der ausgewählte SSegmentierung"Tab zu sehen.

sierung) werden die Aufgaben der Anwendung ausgeführt. Diese fünf Tabs sind in Abb. 4.1 zu sehen. Als Frontend der App dient eine Dash-Anwendung, die eine einfache html Graphical User Interface (GUI) bereitstellt. Das Backend ist mit Python erstellt und die gesammelten Daten werden als JSON gespeichert. Zwischenergebnisse wie trainierte Modelle und verarbeitete Daten werden als nicht-interpretierbaren Python-spezifischen Datentypen abgelegt. Hierzu ist ein Docker mit Zugriff auf das lokale Dateiensystem versehen und über Kubernetes betrieben.

4.4.1 Segmentierung

Abb. 4.1 zeigt den Tab der 3D-Zelldaten-Pipeline, in dem die Segmentierung der Zellkerne vorgenommen wird. Im Eingabefeld "Eingabe Ordner" wird ein Ordner, relativ vom Speicherort der Anwendung angegeben, aus dem .TIF Bilder gelesen werden. Unter "Ausgabe Ordner" wird angegeben, wohin die Instanzsegmentierungsmasken gespeichert werden. Mit dem Knopf "Starte Segmentierung" wird die Segmentierung gestartet und mit dem "Abbrechen" Knopf wieder abgebrochen. Das Textfeld "Segmentation running..." blinkt im Takt von einer Sekunde, solange die Segmentierung durchgeführt wird.

4.4.2 Labeling App

Um den Klassifikator zu trainieren, werden einige Zieldaten mithilfe einer selbst erstellten Labeling App Annotationen hinzugefügt. Die Anforderungen an die Labeling App sind ein nutzerfreundlicher, zeiteffizienter Ablauf und Zugänglichkeit für Nutzer*Innen ohne Programmiererfahrung. Funktional muss die Labeling App im Stande sein die zu klassifizierenden Nuclei zu visualisieren und Eingabemöglichkeiten bieten, mit der Experten die Klasse des Nucleus eintragen können. Diese eingetragenen Annotationen müssen sinnvoll gespeichert werden.

Abb. 4.2 zeigt die GUI der Labeling App. Mit den Bedienelementen werden die Anforderungen an die Funktionalität umgesetzt. Zentral zu sehen sind zwei Fenster, die je einen 2D-Schnitt des ausgewählten Nucleus anzeigen. Das linke Bild zeigt den Nucleus stark vergrößert, das rechte Bild zeigt die Umgebung des Nucleus. Auf den Bildern ist jeweils ein

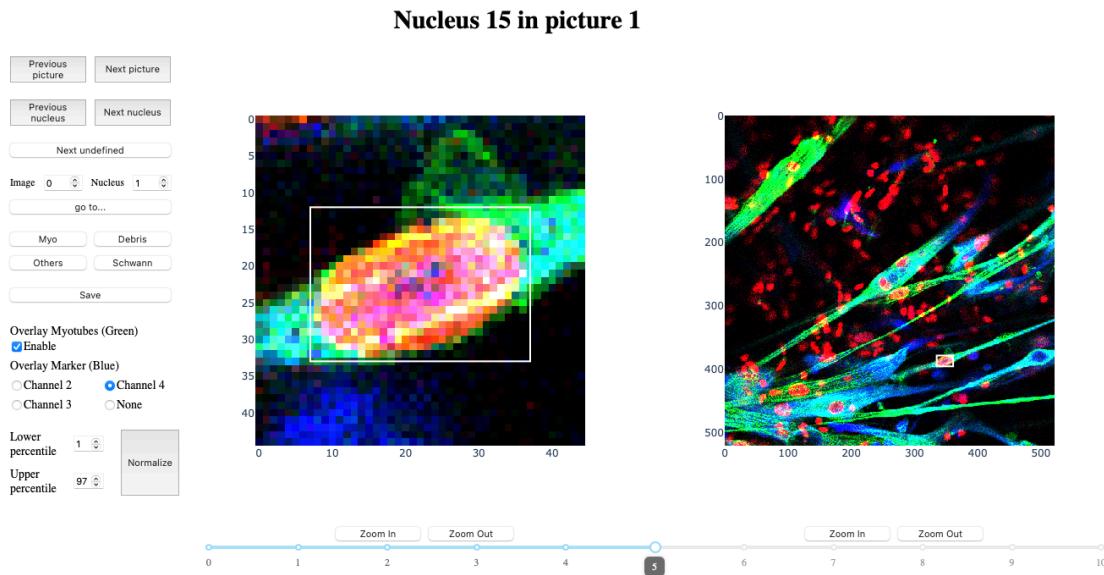


Abb. 4.2 | Die Abbildung zeigt die **GUI** der Labeling App. In der Mitte wird die Zelle angezeigt, die gelabelt werden soll, und links sind Bedienelemente zu sehen. Unter der dargestellten Zelle befindet sich ein Schieberegler, der die Navigation entlang der Z-Achse ermöglicht. Über die Bedienelemente kann der/die Nutzer*In zwischen Bildern und Zellen umschalten, die Klasse der Zelle bestimmen, den gezeigten Ausschnitt mit prozentualen Schwellenwerten normalisieren und die Fenstergröße ändern.

Kasten gezeichnet, der den ausgewählten Nucleus umrandet, um Nuclei, die dicht aneinander liegen, zu unterscheiden. Mit dem Schieberegler unter den Fenstern wird ausgewählt, welche der Schichten, in denen der Nucleus anwesend ist, gezeigt werden soll. Über dem Fenster ist der Index des aktuell dargestellten Nucleus und des Bilds angegeben. Links neben dem Fenster befinden sich Bedienelemente mit den folgenden Funktionen:

- *Previous picture*: Vorheriges Bild auswählen.
- *Next picture*: Nächstes Bild auswählen.
- *Previous nucleus*: Vorherigen Nucleus auswählen.
- *Next nucleus*: Nächsten Nucleus auswählen.
- *Next undefined*: Nächsten Nucleus ohne eingetragene Annotation auswählen.
- *Image*: Eingabefeld für das auszuwählende Bild.
- *Nucleus*: Eingabefeld für den auszuwählenden Nucleus.
- *go to...*: Bild und Nucleus auswählen, wie in den Eingabefeldern.
- *Myo*: "Myotuben-ZellkernKlasse als Annotation des ausgewählten Nucleus definieren.

- *Debris*: "ÜberresteKlasse als Annotation des ausgewählten Nucleus definieren.
- *Other*: ÄndereKlasse als Annotation des ausgewählten Nucleus definieren.
- *Schwann*: SSchwannzellen-ZellkernKlasse als Annotation des ausgewählten Nucleus definieren.
- *Save*: Speichert manuell die festgelegten Annotations ab. Die Labeling App speichert außerdem eigenständig periodisch.
- *Overlay Myotubes (Green)*: Mit einem Haken bei "Enable" wird der Marker, der die Myotuben einfärbt, in Grün eingeblendet.
- *Overlay Marker (Blue)*: Einer oder keiner der restlichen vorhandenen Marker wird in Blau eingeblendet.
- *Lower Percentile*: Unteren prozentualen Schwellwert wählen, der bei der nächsten Normalisierung angewandt werden soll.
- *Upper Percentile*: Oberen prozentualen Schwellwert wählen, der bei der nächsten Normalisierung angewandt werden soll.
- *Normalize*: Normalisierung lokal auf den Ausschnitt des aktuell ausgewählten Nucleus anwenden. Intensitätswerte, die im beziehungsweise über dem Perzentil der eingetragenen Schwellwerte, werden hierbei zusammengefasst.
- *Zoom In*: Verkleinert den anzuzeigenden Ausschnitt.
- *Zoom Out*: Vergrößert den anzuzeigenden Ausschnitt.

Für das Backend sind einige Python-Skripte direkt im Docker mounted. Aufgrund der Anforderung einer nutzerfreundlichen, zeiteffizienten Bedienung, sind alle Berechnungen, die während der Nutzung der Labeling App ausgeführt werden, darauf ausgelegt, die Rechenzeit zu minimieren. Hierzu werden alle Bilder und Masken bei der Initialisierung der App in den Cache geladen. Des Weiteren ist eine Python-Klasse angelegt, die separat noch das aktuell ausgewählte Bild und die ausgewählte Zelle speichert. Erst wenn eine Änderung der Auswahl ausgeführt wird, wird eine neue Zelle oder ein neues gesamtes Bild geladen und selbst dann lediglich aus dem Cache.

4.4.3 Methoden Vergleich

Der Tab "Methoden Vergleich" in Abb. 4.3 dargestellt. Die Eingabefelder "Eingabe Ordner" und "Ausgabe Ordner" wählen aus, aus welchem und in welchen Ordner, relativ zum Speicherort der Anwendung, die Daten gelesen oder geschrieben werden. Im Eingabe Ordner müssen dreidimensionale Bilder, Segmentierungsmasken und Annotationen anwesend sein. Die vorangehenden Tabs speichern die Daten direkt im erwarteten Format ab. Unter der Anzeige für die gewählten Ordner sind einige Checkbox-Felder gegeben.

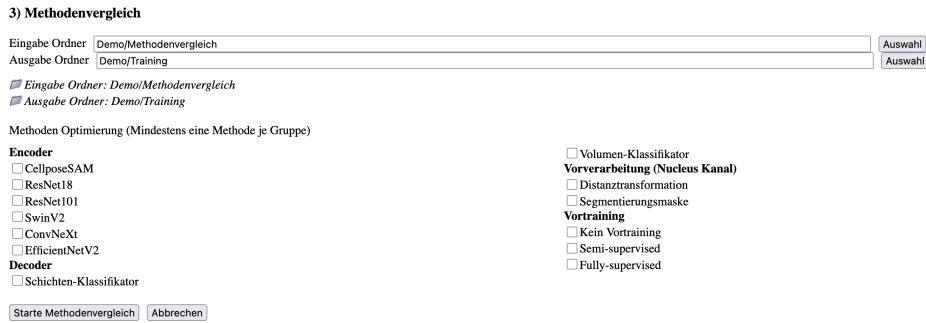


Abb. 4.3 | Die Abbildung zeigt den Tab der 3D-Zelldaten-Pipeline der den Vergleich der Klassifikatormethoden ermöglicht. Methoden der Kategorien Encoder, Decoder, Vorverarbeitung und Vortraining können ausgewählt werden, um einen Vergleich aller Kombinationen der Methoden zu starten.

Diese sind in die vier Gruppen Encoder, Decoder, Vorverarbeitung (Nucleus Kanal) und Vortraining unterteilt. Alle Methoden die hier gewählt werden werden nachfolgend genutzt und in jeder Kombination trainiert. Die verfügbaren Methoden sind in Kapitel 3.3 beschrieben. Mit dem SStart”Knopf wird der Methodenvergleich gestartet und mit dem Äbbrechen”Knopf wieder abgebrochen. Nach Abschluss des Vergleichs werden die Vorräussagen des Modells mit der höchsten Genauigkeit auf dem Validierungsanteil der Eingangsdaten für alle Nuclei im Datensatz abgelegt, auch für die Daten ohne Annotationen. Außerdem wird die Kombination von Methoden gespeichert, mit der die höchste Genauigkeit erzielt wurde.

4.4.4 Training

Im ”Training”Tab (Abb. 4.5) wird der Klassifikator mit der zuvor ermittelten optimalen Kombination von Methoden erneut trainiert in mehr Epochen. Dabei können auch mehr Annotationen eingesetzt werden, die während dem Methodenvergleich nachgeliefert wurden. Dieser Tab ist optional, das Training während dem Methodenvergleich kann das intensivere Training in diesem Tab ersetzen, wenn die Genauigkeit bereits zufriedenstellend war. In den Eingabefeldern ”Eingabe Ordner”und ”Ausgabe Ordner” wird angegeben welche Ordner genutzt werden sollen. Im Eingabe Ordner muss eine Datei abliegen, die die beste Kombination der Methoden auszeichnet. Nachdem das Training mit dem SStarte Training”Knopf gestartet und vollendet wurde werden die Vorhersagen für alle Nuclei der Eingabedaten im Ausgabe Ordner abgelegt. Sind hier keine Annotationen verfügbar wird eine einfache Inferenz mit dem trainierten Modell im Eingabe Ordner durchgeführt und die Vorhersagen gespeichert.

4.4.5 Visualisierung

In dem letzten Tab werden die Ergebnisse der Anwendung dargestellt. Mithilfe der beiden Eingabefelder wird festgelegt, aus welchen Ordnern die Ergebnisse stammen sollen und



Abb. 4.4 | Die Abbildung zeigt den Tab der 3D-Zelldaten-Pipeline der das finale Training des Klassifikators durchführt. Hier wird ein Ordner gewählt, aus dem die beste Kombination von Methoden gelesen werden soll und anschließend ein längeres Training gestartet.



Abb. 4.5 | Die Abbildung zeigt den "Visualisierung" Tab der 3D-Zelldaten-Pipeline. Hier werden die Ergebnisse der Anwendung in interpretierbaren Grafiken dargeboten.

wohin die erstellten Grafiken gespeichert werden. Mit dem SStarte Visualisierung"Knopf wird der Algorithmus gestartet, der die interpretierbaren Eigenschaften aus den Ergebnissen ausliest. Daraufhin werden unten auf der Seite drei Graphiken dargestellt. Links wird beispielhaft eine Instanzsegmentierungsmaske von einer Schicht eines der 3D-Bilder gezeigt. In der Mitte wird ein Balkendiagramm dargestellt, der die Anzahl der Nuclei jeder Klasse angibt. Das rechte Balkendiagramm zeigt die Verteilung der Nucleus-Volumen in Pixeln hoch drei. Um dieses Volumen zu interpretieren muss die Umrechnung von Pixeln in Micrometer abhängig von der Auflösung des Aufnahmegeräts und der Zoom-Stufe manuell durchgeführt werden.

4.5 Training

Für das Training der Klassifikatoren wurde eine NVIDIA GeForce RTX 3090 Ti mit 24 GB VRAM verwendet. Der verwendete Server verfügt über eine 12th Gen Intel(R) Core(TM) i9-12900KF CPU mit 16 Kernen und 64GB RAM. Die vortrainierten Modelle werden vom Open-Source Framework Pytorch bereitgestellt, genauso wie die Methoden zum Erstellen der Decoder-Köpfe, der Optimizer und die Backpropagation-Funktionalitäten. Der Trainingsablauf ist modular aufgebaut, um die Kombinationen der Methoden aus Kapitel 3

nahtlos zu implementieren.

Results 5

5.1 Überblick

5.2 Segmentierung

Für die Wahl eines Segmentierungsnetzes wird in Kapitel 3 das Bewertungskriterium IPQ eingeführt. Außerdem wird in Kapitel 3 der annotierte S_BIAD1518 Datensatz vorgestellt. Die IPQ wird auf dem Datensatz mit den Masken von drei vortrainierten Segmentierungsnetzen und, zur Validierung, mit der Ground Truth (GT) ausgeführt. Die Masken unterscheiden sich optisch stark (siehe Abb. 5.1), was sich auch in starken Unterschieden in der IPQ äußert.

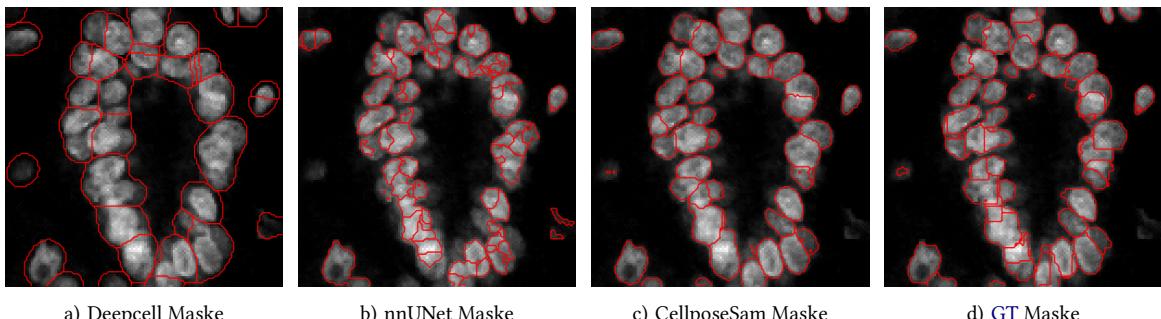


Abb. 5.1 | Darstellung der Segmentierungsmasken der verschiedenen Segmentierungsnetze als Konturen auf einem zweidimensionalen Durchschnitt einer Stichprobe des S_BIAD1518 Datensatzes.

Die Ergebnisse jedes Segmentierungsnetzes sind einzeln und für jedes Bild im Appendix A.2 angehängt. Eine Zusammenfassung der Ergebnisse ist in den Boxplots in Abb. 5.2 gegeben. Das zentrale Ergebnis ist, dass CellposeSAM die besten IPQ-Werte erzielt. Mit einem Mittelwert von 0,64 ist die IPQ von CellposeSAM signifikant höher als der Mittelwert bei nnUNet (0,04) und Deepcell (0,02), mit entsprechenden p-Werten von $1,80 \cdot 10^{-80}$ bzw. $1,59 \cdot 10^{-81}$ bei einseitigen T-Tests. Dennoch zeigt sich, dass CellposeSAM lediglich in der Kategorie Segmentierungs-Qualität (SQ) sowohl den höchsten Median als auch den höchsten Mittelwert erreicht. Die Recognition-Qualität (RQ) der nnUNet-Masken ist signifikant höher als die der CellposeSAM-Masken (p-Wert: $3,48 \cdot 10^{-6}$), und ebenso die Injektive Qualität (IQ) der Deepcell-Masken (p-Wert: $6,78 \cdot 10^{-8}$). Obwohl nnUNet und Deepcell jeweils eine Metrik dominieren, wird ihr IPQ-Wert durch die beiden schlechten Faktoren stark heruntergezogen, während CellposeSAM in jeder Metrik gut, wenn auch

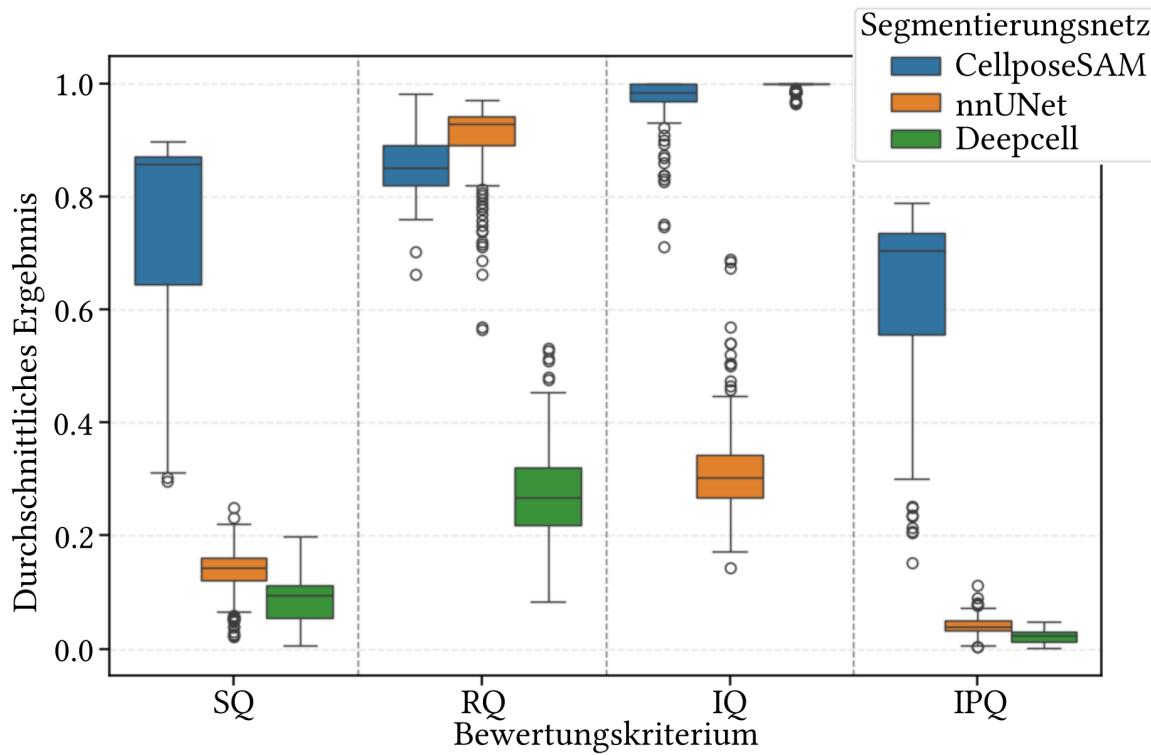


Abb. 5.2 | Boxplots der Ergebnisse der IPQ Berechnungen mit Faktoren k_1 , k_2 und k_3 jeweils gleich eins. Die X-Achse unterteilt die Daten in die Kriterien Segmentatierungs-Qualität (SQ), Recognition Qualität (RQ), Injektivitäts-Qualität (IQ) und Injektive Panoptische Qualität (IPQ), wie in der Formel 3.2 beschrieben. Für jede Metrik sind drei farbige Boxplots zu sehen, einer für jedes Segmentierungsnetz. Die Boxplots visualisieren hierbei die Verteilung der Metriken. Die Box repräsentiert das Interquartilsintervall (25.–75. Perzentil), wobei der Median als Linie innerhalb der Box dargestellt ist. Die sogenannten Whisker reichen bis zum 1,5-fachen des Interquartilsabstands über die Box hinaus. Darüber hinausgehende Punkte gelten als Ausreißer und werden einzeln dargestellt.

nicht am besten, abschneidet. Außerdem zeigen die Boxplots viele Ausreißer in den Daten, was den Unterschieden der Bildkategorien, die der Datensatz enthält, geschuldet sein könnte.

5.3 Klassifikation

Die in Kapitel 3 vorgestellten Methoden zur Klassifikation werden anhand eines separaten Anteils des manuell gelabelten Datensatzes getestet. Die Genauigkeit, also der prozentuale Anteil richtiger Vorhersagen, auf dem Test-Anteil des Zieldatensatzes wird als Kriterium verwendet. Da die Modelle während des Trainings rauschbehaftete Verläufe der Genauigkeit und es zu Overfitting kommen kann, wird nicht das Modell am Ende des Trainings zur Evaluation eingesetzt, sondern das Modell der Trainingsepoke, in der die Genauigkeit am höchsten ist. *TODO: Trainings-Verlauf Kurve einfügen* *TODO: Text zu den Abbildungen, t-Tests ausführen* In Abb. 5.3 ist die Genauigkeit der Klassifikatoren pro Encoder gegeben.

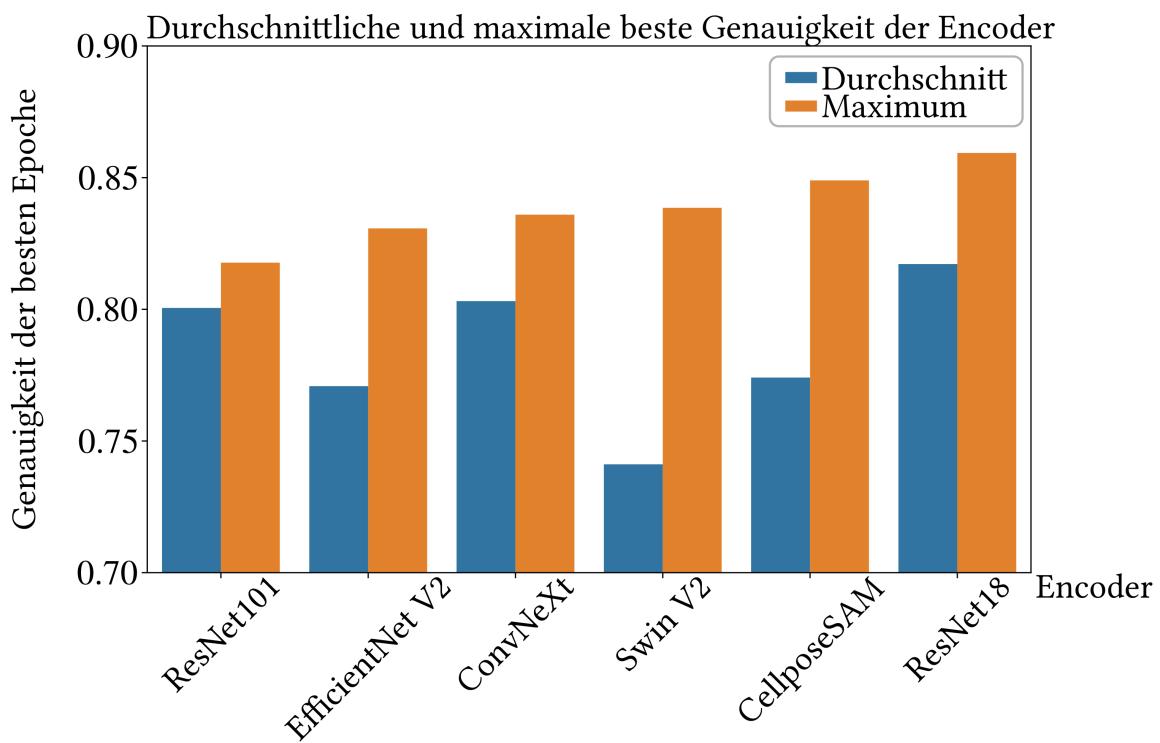


Abb. 5.3 | Das Balkendiagramm zeigt an der Y-Achse die Genauigkeit der Klassifikatoren unter Verwendung der verschiedenen Encoder. Auf der X-Achse sind die Encoder als Gruppen aufgetragen. Jede Gruppe enthält einen Maximalwert (Orange) und einen Durchschnittswert (Blau), da jeder Encoder mit verschiedenen Kombinationen von Methoden getestet wird. Die Encoder sind nach aufsteigendem Maximalwert von links nach rechts sortiert.

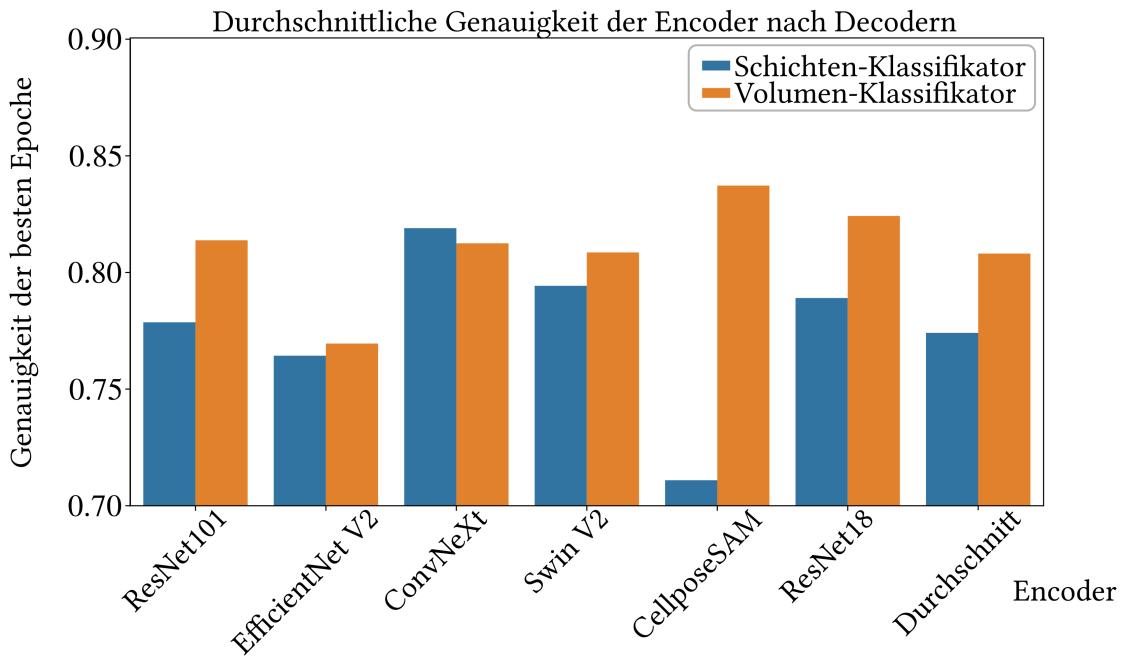


Abb. 5.4 | Das Balkendiagramm zeigt den Genauigkeitswert der Klassifikatoren unter Verwendung eines bestimmten Decoder. Auf der Y-Achse ist der Durchschnitt der Genauigkeiten der besten Trainingsepochen aller Klassifikatoren, die diesen Decoder nutzen, aufgetragen. Die X-Achse zeigt Gruppen von Encodern, jeweils besetzt mit einem Wert für den Schichten- und den Volumen-Klassifikator. Rechts zu sehen sind Balken, die den Durchschnitt der Werte aller Encoder, abhängig von dem Decoder, zeigen.

Abb. 5.4 zeigt eine Gegenüberstellung der Genauigkeit, die die beiden Decoder erreichen anhand eines Balkendiagramms. Die blauen Balken zeigen dabei jeweils die Ergebnisse der Architekturen, die den Schichten-Klassifikator einbeziehen, die orangenen Balken die Ergebnisse des Volumen-Klassifikator. Auf der X-Achse sind als Gruppen die Encoder oder der Durchschnitt aufgetragen und auf der Y-Achse die durchschnittliche Genauigkeit der Modelle mit entsprechendem Decoder. An den Daten ist zu sehen, dass der Einfluss des Decoders nicht homogen ist. Mit dem ConvNeXt Encoder ist der Schichten-Klassifikator performanter als der Volumen-Klassifikator, während es bei allen anderen Encodern gegenteilig ist. Für den CellposeSAM Encoder ist der Genauigkeitsunterschied 12,6 Prozentpunkte groß, für EfficientNetV2 lediglich einen halben Prozentpunkt. Die Daten zeigen also außerdem, dass die Intensität des Unterschieds zwischen den Genauigkeiten der beiden Decoder stark vom Encoder abhängt. Die Balken rechts, die je den Durchschnitt aller Modelle mit einem Decoder darstellen, deuten an, dass der Volumen-Klassifikator insgesamt bessere Ergebnisse liefert. Mit einem t-Test wird diese Vermutung bestätigt ($p = 0,023$).

In Abb. 5.5 sind die durchschnittlichen Genauigkeiten der Modelle gegeben, die jeweils eine der Vorverarbeitungsmethoden nutzen. Auf der Y-Achse ist die Genauigkeit aufgetragen, auf der X-Achse die Encoder und der Durchschnitt als Gruppen. Die Durchschnitrbalken geben den Druchschnitt aller Modelle mit einer bestimmten Vorverarbeitung an, unabhängig vom Encoder. Die Ergebnisse zeigen deutlich, dass der Vorverarbeitungstyp Eins, also das Ersetzen des Nucleus Kanals mit der Segmentierungsmaske dem Anwenden

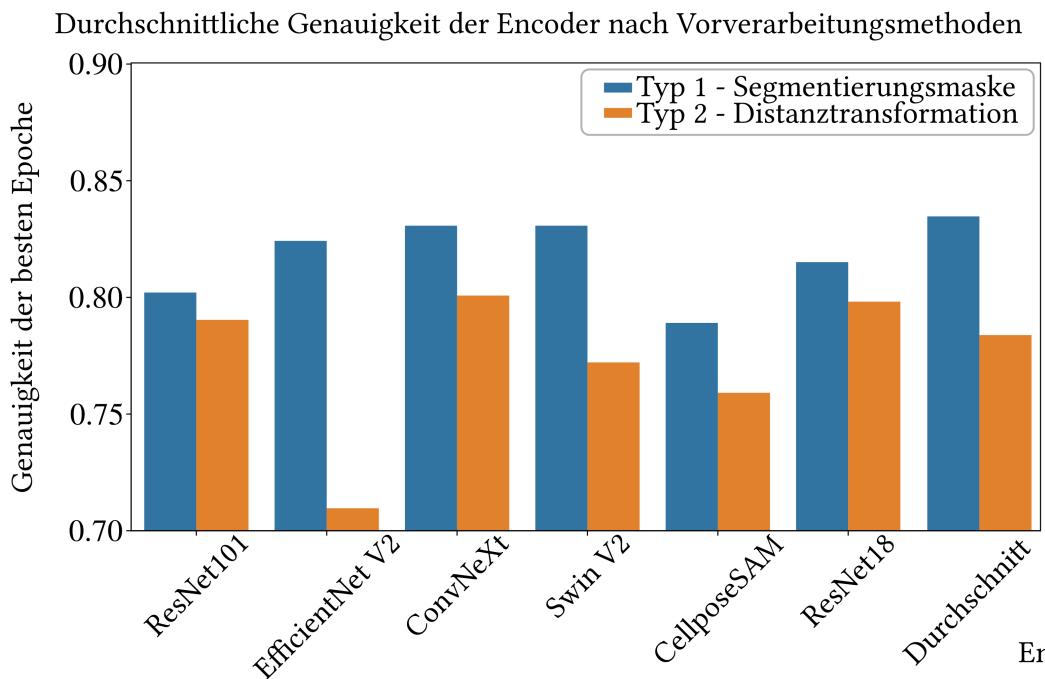


Abb. 5.5 | Das Balkendiagramm zeigt den Genauigkeitswert der Klassifikatoren unter Verwendung einer bestimmten Vorverarbeitungsart. Auf der Y-Achse ist der Durchschnitt der Genauigkeiten der besten Trainingsepochen aller Klassifikatoren, die diese Vorverarbeitungsart nutzen, aufgetragen. Die X-Achse zeigt Gruppen von Encodern, jeweils besetzt mit einem Wert für den Typ Eins, der den Nucleus-Kanal des Bilds mit der Segmentierungsmaske ersetzt, und Typ 2, der eine Distanztransformation auf den Nucleus-Kanal anwendet. Rechts zu sehen sind Balken, die den Durchschnitt der Werte aller Encoder, abhängig von der Vorverarbeitungsmethode, zeigen.

einer Distanztransformation auf den Nucleus Kanal überlegen ist. Durch einen stark signifikanten t-Test wird diese Aussage bestätigt ($p = 0,0018$). Zu sehen ist aber, dass der Einfluss der Vorverarbeitung unterschiedlich stark ist, je nach Encoder. Während die Genauigkeit für Modelle mit dem ResNet101 Encoder mit dem Vorverarbeitungstyp Eins um 0,8 Prozentpunkte steigt gegenüber der Verwendung von Typ Zwei, macht die Vorverarbeitung bei Nutzen des EfficientNetV2 Encoders 11,5 Prozentpunkte aus.

Abb. 5.6 zeigt eine Übersicht der Effektivität der verwendeten Vortrainingsmethoden. Auf der vertikalen Achse sind die verschiedenen Encoder, sowie der Durchschnitt zu sehen. Auf der horizontalen Achse sind die vier Vortrainingsmethoden aufgetragen. Die Farbe der Felder gibt die Genauigkeit einer Kombination von Encoder und Vortrainingsmethode, beziehungsweise den Durchschnitt aller Modelle die mit der entsprechenden Methode trainiert wurden, an. Hierbei reicht die Farbskala von hellem Gelb (bestes Ergebnis) bis zu dunklem Blau (schlechtestes Ergebnis). In den Feldern ist außerdem der entsprechende Genauigkeitswert eingetragen. Zu sehen ist, dass das Vortraining mit semi-supervised-Daten schlechtere Ergebnisse liefert, als ImageNet- oder gar kein Vortraining. Im Durchschnitt liefert das Fortführen des Trainings mit den annotierten Daten nach dem semi-supervised-Training zu einer Steigerung der Genauigkeit um zehn Prozenpunkte. Außerdem ist zu

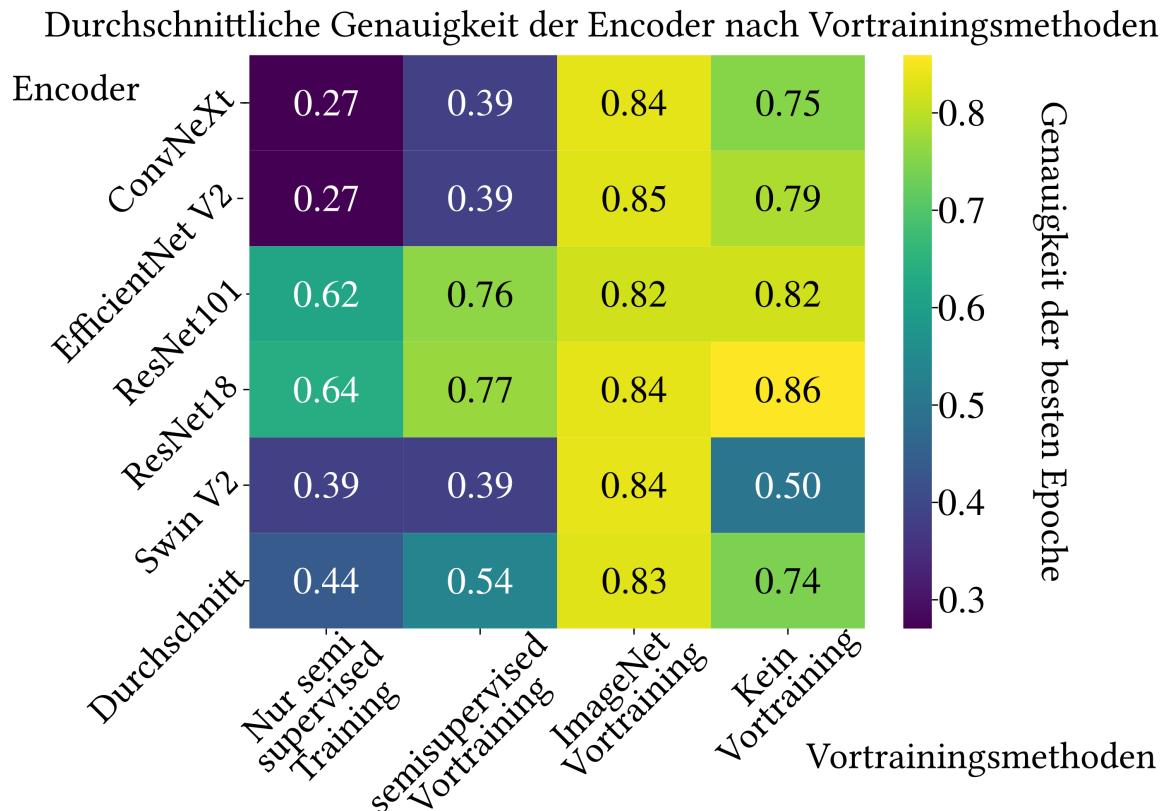


Abb. 5.6 | Die Heatmap zeigt die Genauigkeiten der Klassifikatoren unter Verwendung der verschiedenen Vortrainingsmethoden. Auf der Y-Achse sind die verschiedenen Encoder aufgetragen. Die X-Achse stellt die getesteten Methoden des Vortrainings dar. Die Farbe der Felder und der Wert darin zeigen die Durchschnitte der Genauigkeiten aller Klassifikatoren, die die entsprechende Vortrainingsmethode nutzen. Die letzte Zeile zeigt den Durchschnitt der Werte aller Encoder, abhängig von der Vortrainingsmethode.

sehen, dass die beiden ResNet Encoder gut mit dem semi-supervised-Vortraining umgehen, während alle anderen Encoder schlechte Ergebnisse zeigen. Das kleinere ResNet18 Modell erreicht 64% und das ResNet101 Modell 62% Genauigkeit nach ausschließlich semi-supervised-Lernen. Beide Modelle werden noch um mehr als zehn Prozentpunkte besser nach fortgesetztem Training mit limitierten Annotationen. ImageNet-Vortraining liefert im Durchschnitt die besten Ergebnisse mit einer Genauigkeit von 84%. Außerdem ist die Varianz entlang der Encoder mit dem ImageNet-Vortraining ($5,6 \cdot 10^{-5}$) deutlich geringer als ohne Vortraining (0,016). Dennoch erreicht ResNet18 ohne Vortraining die beste Genauigkeit mit 86%.

Diskussion 6

6.1 Überblick

6.2 Segmentierung

Durch einen Vergleich der Masken mit der **GT** in Abb. 5.2 und ihren zugehörigen Ergebnissen der einzelnen Bewertungskriterien sind die Schwächen und Stärken der individuellen Netze ersichtlich. Die nnUNet-Masken sind sichtbar kleiner als die Nucleus-Instanzen, was eine schlechte Segmentierungsqualität bedingt. Oft zerteilen mehrere nnuNet-Masken eine Nucleus-Instanz, was von der Injektiven Qualität bestraft wird. Wie auch die gute Recognition Qualität zeigt, findet dafür nnUNet sehr zuverlässig die anwesenden Nuclei mit mindestens einer Maske. Deepcell (siehe Abb. 5.1a) übersegmentiert die Nuclei, wodurch die Segmentierungsqualität stark abnimmt. Das Ergebnis sind Masken, die zu groß sind und oft mehr als einen Nucleus enthalten. Das bedeutet auch, dass einige Nuclei nicht von einer eigenen Maske gefunden werden, was sie als **FN**-Instanzen kategorisiert und eine schlechte Recognition Qualität bedingt. Durch diese Übersegmentierung wird vermieden, dass Instanzen der **GT** durch die Deepcell-Masken geteilt werden, was zu einer guten Injektiven Qualität führt.

6.3 Klassifikation

Die Interpretation der Ergebnisse der Genauigkeit von Klassifikatoren mit verschiedenen Encodern, Decodern, Vorverarbeitungsmethoden und Vortrainingsmethoden legt einige Aussagen über Effektivität der Methoden nahe.

Der Volumen-Klassifikator ist signifikant besser als der Schichten-Klassifikator (siehe Kapitel 5.3). Dieses Erkenntnis legt nahe, dass die dreidimensionalen Faltungsschichten besser den Zusammenhang der Merkmale erfassen können, als der Attention-Mechanismus des Schichten-Klassifikators. Das könnte daran liegen, dass die dreidimensionale Faltung räumliche Durchschnittswerte nur mit gelernten Gewichten durchführt, während die Spatial Average Operation großflächig die räumliche Beziehung der Merkmale vernachlässigt. Außerdem ist es möglich, dass die für die Klassifikation ausschlaggebenden Informationen nicht ausreichend entlang der Z-Dimension erhalten sind, was zu einer schlechten Leistung des tiefen fokussierten Schichten-Klassifikators führen würde. Stattdessen könnte auch die Kombination räumlicher Merkmale und der Merkmale entlang der Z-Achse wichtig sein, was die gute Leistung des Volumen-Klassifikators bedingen würde. Da der

Schichten-Klassifikator mit dem ConvNeXt Encoder im Durchschnitt höhere Genauigkeiten erzielt, als mit dem Volumen-Klassifikator, ist die Abwägung zwischen den beiden Methoden dennoch für zukünftige Anwendungen sinnvoll. Bestimmte Encoder erfassen die relevanten Merkmale auf unterschiedliche Weise und beide Decoder haben das Potential mit bestimmten Merkmalsräumen besonders gut zu synergieren.

Auch für Vorverarbeitung ist eine signifikant bessere Methode zu erkennen. Den Nucleus Kanal mit der Segmentierungsmaske zu ersetzen ist signifikant besser als eine Distanztransformation auf den Kanal anzuwenden. Kapitel 3.3 beschreibt das Risiko der Distanztransformation ist der Fortbestand von Einfluss umliegender Nuclei auf das Klassifikationsergebnis.

...

...

Zusammenfassung

7

7.1 Überblick

7.2 Zusammenfassung

KI Künstliche Intelligenz

GAN Generative Adversarial Network

GUI Graphical User Interface

SAM Segment Anything Model

GT Ground Truth

IoU Intersection over Union

PQ Panoptic Quality

IPQ Injektive Panoptische Qualität

TP True Positive

FP False Positive

FN False Negative

CNN Convolutional Neural Network

ViT Vision Transformer

Appendix A

A.1 SWINV2 Architektur

A.2 IPQ-Ergebnisse

Bild	CellposeSAM	nnUNet	Deepcell	Bild	CellposeSAM	nnUNet	Deepcell
1	0.315	0.082	0.010	2	0.349	0.066	0.015
3	0.326	0.139	0.008	4	0.405	0.138	0.017
5	0.313	0.082	0.006	6	0.323	0.139	0.008
7	0.349	0.066	0.015	8	0.406	0.139	0.018
9	0.656	0.249	0.013	10	0.449	0.052	0.026
11	0.500	0.056	0.022	12	0.500	0.056	0.025
13	0.452	0.052	0.026	14	0.645	0.039	0.063
15	0.529	0.056	0.112	16	0.645	0.039	0.063
17	0.529	0.056	0.112	18	0.670	0.148	0.058
19	0.304	0.048	0.015	20	0.297	0.197	0.013
21	0.464	0.058	0.077	22	0.604	0.086	0.021
23	0.516	0.114	0.029	24	0.585	0.151	0.057
25	0.544	0.115	0.029	26	0.507	0.097	0.017
27	0.576	0.172	0.030	28	0.502	0.118	0.030
29	0.697	0.022	0.040	30	0.627	0.025	0.014
31	0.646	0.023	0.031	32	0.613	0.029	0.030
33	0.586	0.143	0.022	34	0.874	0.149	0.141
35	0.862	0.159	0.054	36	0.868	0.180	0.080
37	0.879	0.148	0.079	38	0.854	0.131	0.154
39	0.852	0.167	0.121	40	0.874	0.210	0.044
41	0.846	0.222	0.095	42	0.881	0.143	0.096
43	0.876	0.160	0.109	44	0.880	0.139	0.067
45	0.860	0.149	0.104	46	0.838	0.121	0.099
47	0.872	0.146	0.113	48	0.852	0.138	0.080
49	0.863	0.174	0.098	50	0.867	0.162	0.094
51	0.854	0.142	0.091	52	0.872	0.199	0.118
53	0.871	0.134	0.121	54	0.873	0.154	0.076
55	0.877	0.157	0.114	56	0.880	0.135	0.126

Bild	CellposeSAM	nnUNet	Deepcell	Bild	CellposeSAM	nnUNet	Deepcell
57	0.857	0.148	0.075	58	0.861	0.183	0.099
59	0.865	0.151	0.085	60	0.850	0.184	0.085
61	0.857	0.170	0.154	62	0.881	0.160	0.097
63	0.851	0.113	0.102	64	0.861	0.173	0.170
65	0.885	0.119	0.105	66	0.875	0.185	0.144
67	0.863	0.169	0.084	68	0.853	0.171	0.129
69	0.850	0.154	0.158	70	0.867	0.146	0.110
71	0.859	0.139	0.132	72	0.856	0.133	0.153
73	0.898	0.114	0.094	74	0.879	0.123	0.098
75	0.860	0.233	0.117	76	0.879	0.162	0.138
77	0.855	0.133	0.099	78	0.842	0.185	0.137
79	0.876	0.167	0.137	80	0.872	0.154	0.117
81	0.880	0.161	0.088	82	0.879	0.160	0.142
83	0.879	0.124	0.106	84	0.869	0.141	0.096
85	0.856	0.158	0.100	86	0.837	0.163	0.062
87	0.863	0.149	0.108	88	0.867	0.187	0.119
89	0.874	0.135	0.086	90	0.845	0.141	0.099
91	0.860	0.181	0.199	92	0.868	0.168	0.111
93	0.828	0.139	0.131	94	0.858	0.146	0.084
95	0.886	0.144	0.093	96	0.863	0.115	0.102
97	0.862	0.139	0.112	98	0.863	0.123	0.133
99	0.856	0.168	0.130	100	0.875	0.129	0.111
101	0.870	0.150	0.077	102	0.863	0.142	0.092
103	0.843	0.145	0.125	104	0.856	0.161	0.197
105	0.879	0.143	0.091	106	0.873	0.135	0.142
107	0.870	0.148	0.105	108	0.845	0.143	0.055
109	0.869	0.177	0.097	110	0.855	0.171	0.112
111	0.894	0.143	0.118	112	0.865	0.130	0.051
113	0.863	0.175	0.112	114	0.884	0.154	0.116
115	0.848	0.137	0.099	116	0.874	0.154	0.104
117	0.857	0.171	0.061	118	0.876	0.137	0.091
119	0.871	0.143	0.050	120	0.872	0.151	0.111
121	0.876	0.128	0.138	122	0.873	0.180	0.104
123	0.857	0.170	0.108	124	0.870	0.185	0.131
125	0.861	0.183	0.085	126	0.577	0.050	0.078
127	0.560	0.107	0.037	128	0.572	0.090	0.037
129	0.585	0.113	0.059	130	0.591	0.088	0.013

Tab. A.1 | Einzelne SQ-Ergebnisse von jedem Segmentierungsnetz

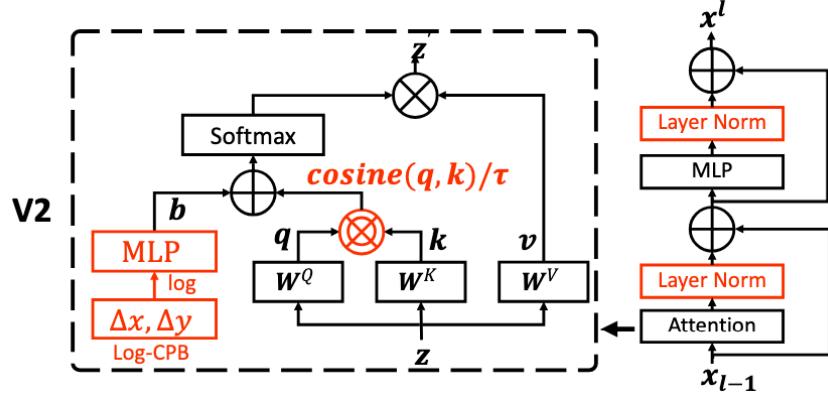


Abb. A.1 | Swin Transformer V2 Architektur [150]. Ein Bildfenster z und dessen relative Koordinaten im Bild Δx und Δy werden in einem Attention-Mechanismus zusammengeführt. Mithilfe einer Kosinus-Ähnlichkeitsfunktion, der Softmax-Funktion [151] und elementweiser Multiplikation sowie Addition werden diese Ergebnisse in einen Merkmalsraum überführt. Zwei Layer normalization [30] Schichten, ein weiteres MLP-Netz und residual connections vervollständigen anschließend den modularen **Swin Transformer V2 Block**.

Bild	CellposeSAM	nnUNet	Deepcell	Bild	CellposeSAM	nnUNet	Deepcell
1	0.794	0.741	0.271	2	0.958	0.872	0.176
3	0.808	0.722	0.212	4	0.946	0.845	0.225
5	0.797	0.739	0.275	6	0.814	0.716	0.222
7	0.961	0.868	0.179	8	0.950	0.839	0.225
9	0.844	0.664	0.347	10	0.942	0.565	0.509
11	0.862	0.760	0.430	12	0.862	0.769	0.382
13	0.937	0.570	0.514	14	0.902	0.892	0.306
15	0.953	0.921	0.347	16	0.902	0.892	0.306
17	0.953	0.921	0.347	18	0.663	0.688	0.453
19	0.702	0.751	0.308	20	0.773	0.712	0.184
21	0.773	0.825	0.144	22	0.956	0.930	0.167
23	0.947	0.813	0.341	24	0.922	0.789	0.452
25	0.945	0.879	0.346	26	0.935	0.821	0.348
27	0.964	0.824	0.329	28	0.904	0.783	0.418
29	0.937	0.948	0.323	30	0.947	0.870	0.346
31	0.930	0.918	0.381	32	0.938	0.903	0.321
33	0.980	0.804	0.532	34	0.847	0.937	0.261
35	0.872	0.909	0.300	36	0.833	0.927	0.218
37	0.813	0.943	0.295	38	0.862	0.957	0.289
39	0.816	0.951	0.229	40	0.820	0.940	0.196
41	0.819	0.914	0.259	42	0.826	0.951	0.308
43	0.820	0.953	0.330	44	0.794	0.881	0.168
45	0.823	0.944	0.206	46	0.867	0.890	0.158
47	0.862	0.930	0.283	48	0.843	0.940	0.364

A Appendix

Bild	CellposeSAM	nnUNet	Deepcell	Bild	CellposeSAM	nnUNet	Deepcell
49	0.870	0.909	0.149	50	0.813	0.906	0.263
51	0.761	0.945	0.294	52	0.813	0.901	0.323
53	0.826	0.947	0.227	54	0.877	0.935	0.178
55	0.877	0.940	0.275	56	0.847	0.961	0.168
57	0.864	0.935	0.265	58	0.833	0.950	0.224
59	0.813	0.943	0.250	60	0.829	0.908	0.267
61	0.872	0.941	0.283	62	0.826	0.960	0.226
63	0.816	0.943	0.082	64	0.857	0.950	0.289
65	0.800	0.910	0.263	66	0.840	0.937	0.330
67	0.855	0.952	0.317	68	0.816	0.942	0.176
69	0.872	0.945	0.200	70	0.794	0.933	0.235
71	0.864	0.943	0.294	72	0.836	0.933	0.217
73	0.840	0.973	0.272	74	0.800	0.947	0.286
75	0.862	0.931	0.182	76	0.893	0.943	0.220
77	0.833	0.928	0.238	78	0.911	0.935	0.222
79	0.862	0.919	0.174	80	0.847	0.908	0.229
81	0.794	0.945	0.224	82	0.893	0.963	0.323
83	0.870	0.952	0.206	84	0.791	0.908	0.240
85	0.887	0.935	0.272	86	0.847	0.936	0.218
87	0.909	0.937	0.162	88	0.909	0.927	0.348
89	0.806	0.933	0.289	90	0.773	0.920	0.168
91	0.806	0.924	0.152	92	0.840	0.933	0.289
93	0.852	0.927	0.271	94	0.813	0.917	0.118
95	0.820	0.962	0.296	96	0.833	0.966	0.268
97	0.823	0.950	0.351	98	0.895	0.945	0.326
99	0.872	0.939	0.217	100	0.870	0.938	0.377
101	0.813	0.937	0.240	102	0.829	0.934	0.245
103	0.926	0.940	0.240	104	0.850	0.927	0.220
105	0.877	0.942	0.204	106	0.877	0.935	0.213
107	0.820	0.943	0.215	108	0.812	0.952	0.320
109	0.781	0.929	0.255	110	0.872	0.948	0.275
111	0.847	0.949	0.261	112	0.826	0.939	0.278
113	0.862	0.951	0.214	114	0.820	0.941	0.365
115	0.864	0.933	0.220	116	0.840	0.922	0.317
117	0.885	0.941	0.216	118	0.847	0.908	0.305
119	0.862	0.927	0.226	120	0.847	0.913	0.237
121	0.800	0.909	0.235	122	0.820	0.935	0.274
123	0.864	0.937	0.267	124	0.862	0.938	0.364
125	0.840	0.893	0.280	126	0.984	0.876	0.267
127	0.922	0.797	0.305	128	0.958	0.808	0.476
129	0.934	0.780	0.528	130	0.922	0.832	0.481

Bild	CellposeSAM	nnUNet	Deepcell	Bild	CellposeSAM	nnUNet	Deepcell
------	-------------	--------	----------	------	-------------	--------	----------

Tab. A.2 | Einzelne RQ-Ergebnisse von jedem Segmentierungsnetz

Bild	CellposeSAM	nnUNet	Deepcell	Bild	CellposeSAM	nnUNet	Deepcell
1	0.826	0.429	1.000	2	0.748	0.389	1.000
3	0.894	0.506	1.000	4	0.861	0.458	1.000
5	0.832	0.439	1.000	6	0.900	0.520	1.000
7	0.753	0.395	1.000	8	0.869	0.474	1.000
9	0.992	0.673	1.000	10	0.991	0.689	1.000
11	0.957	0.401	1.000	12	0.954	0.385	1.000
13	0.991	0.685	1.000	14	0.966	0.320	0.991
15	0.840	0.242	0.986	16	0.966	0.320	0.991
17	0.840	0.242	0.986	18	0.986	0.405	1.000
19	0.712	0.334	0.987	20	0.932	0.570	1.000
21	0.838	0.171	0.985	22	0.875	0.233	1.000
23	0.950	0.505	1.000	24	0.944	0.400	0.987
25	0.933	0.447	1.000	26	0.909	0.427	1.000
27	0.959	0.541	1.000	28	0.940	0.501	1.000
29	0.957	0.143	1.000	30	0.954	0.307	1.000
31	0.954	0.201	1.000	32	0.935	0.277	1.000
33	0.935	0.416	1.000	34	1.000	0.261	1.000
35	0.985	0.324	1.000	36	1.000	0.326	0.968
37	1.000	0.301	1.000	38	1.000	0.261	0.985
39	0.986	0.321	1.000	40	1.000	0.365	1.000
41	0.972	0.405	0.986	42	1.000	0.280	1.000
43	1.000	0.308	1.000	44	1.000	0.283	1.000
45	0.986	0.279	1.000	46	0.968	0.238	1.000
47	1.000	0.281	1.000	48	0.985	0.261	1.000
49	1.000	0.307	1.000	50	1.000	0.308	1.000
51	0.985	0.275	1.000	52	1.000	0.368	0.984
53	1.000	0.251	1.000	54	1.000	0.281	1.000
55	1.000	0.302	0.986	56	1.000	0.253	1.000
57	0.984	0.272	1.000	58	1.000	0.339	1.000
59	1.000	0.316	1.000	60	0.986	0.363	1.000
61	0.985	0.309	1.000	62	1.000	0.330	1.000
63	0.983	0.211	1.000	64	0.986	0.312	0.971
65	1.000	0.235	1.000	66	1.000	0.343	1.000
67	1.000	0.324	1.000	68	0.984	0.311	1.000
69	0.984	0.286	1.000	70	1.000	0.267	1.000
71	0.985	0.265	0.985	72	0.983	0.244	1.000
73	1.000	0.213	0.985	74	1.000	0.240	1.000

A Appendix

Bild	CellposeSAM	nnUNet	Deepcell	Bild	CellposeSAM	nnUNet	Deepcell
75	1.000	0.420	1.000	76	1.000	0.291	0.984
77	0.986	0.264	1.000	78	0.985	0.340	1.000
79	1.000	0.304	1.000	80	1.000	0.305	1.000
81	1.000	0.311	1.000	82	1.000	0.302	0.986
83	1.000	0.234	1.000	84	0.984	0.256	1.000
85	0.986	0.323	0.986	86	0.970	0.322	1.000
87	1.000	0.278	0.984	88	1.000	0.335	1.000
89	1.000	0.271	1.000	90	0.983	0.267	1.000
91	0.984	0.331	1.000	92	1.000	0.278	1.000
93	0.970	0.276	0.985	94	1.000	0.275	1.000
95	1.000	0.269	0.986	96	1.000	0.228	1.000
97	0.985	0.262	1.000	98	0.983	0.239	1.000
99	0.984	0.293	1.000	100	1.000	0.258	0.985
101	1.000	0.284	1.000	102	0.984	0.258	1.000
103	0.985	0.281	1.000	104	0.983	0.278	1.000
105	1.000	0.276	1.000	106	1.000	0.245	0.966
107	1.000	0.275	1.000	108	0.971	0.282	1.000
109	1.000	0.325	0.985	110	0.985	0.328	0.985
111	1.000	0.249	1.000	112	1.000	0.263	1.000
113	1.000	0.320	1.000	114	1.000	0.300	0.985
115	0.985	0.256	0.970	116	1.000	0.303	0.986
117	1.000	0.306	1.000	118	1.000	0.288	0.986
119	1.000	0.278	1.000	120	1.000	0.296	1.000
121	1.000	0.256	1.000	122	1.000	0.316	1.000
123	0.986	0.342	1.000	124	1.000	0.325	1.000
125	1.000	0.349	1.000	126	0.979	0.287	1.000
127	0.923	0.361	1.000	128	0.975	0.465	1.000
129	0.969	0.540	1.000	130	0.938	0.442	1.000

Tab. A.3 | Einzelne IQ-Ergebnisse von jedem Segmentierungsnetz

Bild	CellposeSAM	nnUNet	Deepcell	Bild	CellposeSAM	nnUNet	Deepcell
1	0.207	0.026	0.003	2	0.250	0.022	0.003
3	0.235	0.051	0.002	4	0.330	0.053	0.004
5	0.207	0.027	0.002	6	0.237	0.052	0.002
7	0.253	0.023	0.003	8	0.335	0.055	0.004
9	0.549	0.112	0.005	10	0.419	0.020	0.013
11	0.412	0.017	0.009	12	0.411	0.016	0.010
13	0.419	0.020	0.013	14	0.563	0.011	0.019
15	0.424	0.013	0.038	16	0.563	0.011	0.019

Bild	CellposeSAM	nnUNet	Deepcell	Bild	CellposeSAM	nnUNet	Deepcell
17	0.424	0.013	0.038	18	0.438	0.041	0.026
19	0.152	0.012	0.005	20	0.214	0.080	0.002
21	0.300	0.008	0.011	22	0.505	0.019	0.003
23	0.464	0.047	0.010	24	0.509	0.048	0.025
25	0.480	0.045	0.010	26	0.431	0.034	0.006
27	0.532	0.077	0.010	28	0.426	0.046	0.012
29	0.625	0.003	0.013	30	0.566	0.007	0.005
31	0.573	0.004	0.012	32	0.537	0.007	0.010
33	0.537	0.048	0.012	34	0.741	0.036	0.037
35	0.741	0.047	0.016	36	0.724	0.054	0.017
37	0.714	0.042	0.023	38	0.736	0.033	0.044
39	0.685	0.051	0.028	40	0.717	0.072	0.009
41	0.673	0.082	0.024	42	0.728	0.038	0.030
43	0.718	0.047	0.036	44	0.699	0.035	0.011
45	0.697	0.039	0.021	46	0.703	0.026	0.016
47	0.752	0.038	0.032	48	0.708	0.034	0.029
49	0.751	0.049	0.015	50	0.705	0.045	0.025
51	0.640	0.037	0.027	52	0.709	0.066	0.038
53	0.720	0.032	0.027	54	0.765	0.040	0.014
55	0.769	0.045	0.031	56	0.746	0.033	0.021
57	0.729	0.038	0.020	58	0.717	0.059	0.022
59	0.703	0.045	0.021	60	0.695	0.061	0.023
61	0.736	0.049	0.043	62	0.728	0.051	0.022
63	0.683	0.022	0.008	64	0.728	0.051	0.048
65	0.708	0.026	0.027	66	0.736	0.059	0.048
67	0.737	0.052	0.027	68	0.684	0.050	0.023
69	0.729	0.042	0.032	70	0.688	0.036	0.026
71	0.731	0.035	0.038	72	0.704	0.030	0.033
73	0.754	0.024	0.025	74	0.703	0.028	0.028
75	0.741	0.091	0.021	76	0.785	0.044	0.030
77	0.703	0.033	0.023	78	0.755	0.059	0.030
79	0.755	0.047	0.024	80	0.739	0.043	0.027
81	0.698	0.047	0.020	82	0.785	0.047	0.045
83	0.764	0.028	0.022	84	0.676	0.033	0.023
85	0.749	0.048	0.027	86	0.688	0.049	0.014
87	0.785	0.039	0.017	88	0.789	0.058	0.041
89	0.705	0.034	0.025	90	0.642	0.035	0.017
91	0.682	0.055	0.030	92	0.730	0.044	0.032
93	0.684	0.036	0.035	94	0.698	0.037	0.010
95	0.726	0.037	0.027	96	0.719	0.025	0.027
97	0.699	0.035	0.039	98	0.759	0.028	0.043
99	0.734	0.046	0.028	100	0.761	0.031	0.041

References

Bild	CellposeSAM	nnUNet	Deepcell	Bild	CellposeSAM	nnUNet	Deepcell
101	0.707	0.040	0.019	102	0.704	0.034	0.022
103	0.769	0.038	0.030	104	0.715	0.042	0.043
105	0.771	0.037	0.019	106	0.765	0.031	0.029
107	0.714	0.038	0.023	108	0.666	0.038	0.018
109	0.679	0.053	0.024	110	0.735	0.053	0.030
111	0.758	0.034	0.031	112	0.715	0.032	0.014
113	0.744	0.053	0.024	114	0.724	0.044	0.042
115	0.722	0.033	0.021	116	0.734	0.043	0.032
117	0.758	0.049	0.013	118	0.742	0.036	0.027
119	0.751	0.037	0.011	120	0.739	0.041	0.026
121	0.701	0.030	0.032	122	0.716	0.053	0.029
123	0.730	0.054	0.029	124	0.750	0.056	0.048
125	0.724	0.057	0.024	126	0.555	0.012	0.021
127	0.476	0.031	0.011	128	0.534	0.034	0.018
129	0.530	0.048	0.031	130	0.511	0.032	0.006

Tab. A.4 | Einzelne ipq-Ergebnisse von jedem Segmentierungsnetz

References

- [1] Warren H Lewis und Margaret R Lewis. „Behavior of cross striated muscle in tissue cultures“. In: *American Journal of Anatomy* 22.2 (1917), S. 169–194.
- [2] Emeka Enwere et al. „Role of the TWEAK-Fn14-cIAP1-NF-κB Signaling Axis in the Regulation of Myogenesis and Muscle Homeostasis“. In: *Frontiers in Immunology* 5 (Feb. 2014), S. 34. doi: [10.3389/fimmu.2014.00034](https://doi.org/10.3389/fimmu.2014.00034).
- [3] Scott F Gilbert. *Developmental biology*. Englisch. 10. Aufl. Sunderland, Massachusetts: Sinauer Associates, 2014.
- [4] Irene A. Pogogeff und Margaret R. Murray. „Form and behavior of adult mammalian skeletal muscle in vitro“. en. In: *The Anatomical Record* 95.3 (1946), S. 321–335. ISSN: 1097-0185. doi: [10.1002/ar.1090950308](https://doi.org/10.1002/ar.1090950308). URL: <https://onlinelibrary.wiley.com/doi/abs/10.1002/ar.1090950308> (besucht am 16.07.2025).
- [5] Antoine Weisrock et al. „MyoFInDer: An AI-Based Tool for Myotube Fusion Index Determination“. In: *Tissue Engineering Part A* 30.19-20 (Okt. 2024), S. 652–661. ISSN: 1937-3341. doi: [10.1089/ten.tea.2024.0049](https://doi.org/10.1089/ten.tea.2024.0049). URL: <https://www.liebertpub.com/doi/10.1089/ten.tea.2024.0049> (besucht am 16.07.2025).
- [6] Benjamin Lair et al. *MyoFuse: A fully AI-based workflow for automated quantification of skeletal muscle cell fusion in vitro*. en. Techn. Ber. Type: article. bioRxiv, Feb. 2025. Kap. New Results, S. 2025.02.17.638596. doi: [10.1101/2025.02.17.638596](https://doi.org/10.1101/2025.02.17.638596). URL: <https://www.biorxiv.org/content/10.1101/2025.02.17.638596v1> (besucht am 16.07.2025).
- [7] Kyungchang Jeong et al. „SEPO-FI: Deep-learning based software to calculate fusion index of muscle cells“. In: *Computers in Biology and Medicine* 186 (März 2025), S. 109706. ISSN: 0010-4825. doi: [10.1016/j.combiomed.2025.109706](https://doi.org/10.1016/j.combiomed.2025.109706). URL: <https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S0010482525000563> (besucht am 16.07.2025).
- [8] Juergen Scharner und Peter S Zammit. „The muscle satellite cell at 50: the formative years“. In: *Skeletal Muscle* 1 (Aug. 2011), S. 28. ISSN: 2044-5040. doi: [10.1186/2044-5040-1-28](https://doi.org/10.1186/2044-5040-1-28). URL: <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC3177780/> (besucht am 16.07.2025).

- [9] Pedro Veliça und Chris M. Bunce. „A quick, simple and unbiased method to quantify C2C12 myogenic differentiation“. eng. In: *Muscle & Nerve* 44.3 (Sep. 2011), S. 366–370. ISSN: 1097-4598. doi: [10.1002/mus.22056](https://doi.org/10.1002/mus.22056).
- [10] Andy Nolan et al. „Fluorescent characterization of differentiated myotubes using flow cytometry“. eng. In: *Cytometry. Part A: The Journal of the International Society for Analytical Cytology* 105.5 (Mai 2024), S. 332–344. ISSN: 1552-4930. doi: [10.1002/cyto.a.24822](https://doi.org/10.1002/cyto.a.24822).
- [11] Chibeza C. Agley et al. „An Image Analysis Method for the Precise Selection and Quantitation of Fluorescently Labeled Cellular Constituents“. In: *Journal of Histochemistry and Cytochemistry* 60.6 (Juni 2012), S. 428–438. ISSN: 0022-1554. doi: [10.1369/0022155412442897](https://doi.org/10.1369/0022155412442897). URL: <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC3393072/> (besucht am 16.07.2025).
- [12] Min-Wen Jason Chua et al. „Assessment of different strategies for scalable production and proliferation of human myoblasts“. In: *Cell Proliferation* 52.3 (März 2019), e12602. ISSN: 0960-7722. doi: [10.1111/cpr.12602](https://doi.org/10.1111/cpr.12602). URL: <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC6536385/> (besucht am 16.07.2025).
- [13] Aref Shahini et al. „Efficient and high yield isolation of myoblasts from skeletal muscle“. In: *Stem cell research* 30 (Juli 2018), S. 122–129. ISSN: 1873-5061. doi: [10.1016/j.scr.2018.05.017](https://doi.org/10.1016/j.scr.2018.05.017). URL: <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC6090567/> (besucht am 16.07.2025).
- [14] Jessica Brunetti et al. „Nanopattern surface improves cultured human myotube maturation“. In: *Skeletal Muscle* 11.1 (Mai 2021), S. 12. ISSN: 2044-5040. doi: [10.1186/s13395-021-00268-3](https://doi.org/10.1186/s13395-021-00268-3). URL: <https://doi.org/10.1186/s13395-021-00268-3> (besucht am 16.07.2025).
- [15] Gisela Nogales-Gadea et al. „Expression of Glycogen Phosphorylase Isoforms in Cultured Muscle from Patients with McArdle’s Disease Carrying the p.R771PfsX33 PYGM Mutation“. en. In: *PLOS ONE* 5.10 (Okt. 2010), e13164. ISSN: 1932-6203. doi: [10.1371/journal.pone.0013164](https://doi.org/10.1371/journal.pone.0013164). URL: <https://journals.plos.org/plosone/article?id=10.1371/journal.pone.0013164> (besucht am 16.07.2025).
- [16] Simon Noë et al. „The Myotube Analyzer: how to assess myogenic features in muscle stem cells“. en. In: *Skeletal Muscle* 12.1 (Juni 2022), S. 12. ISSN: 2044-5040. doi: [10.1186/s13395-022-00297-6](https://doi.org/10.1186/s13395-022-00297-6). URL: <https://doi.org/10.1186/s13395-022-00297-6> (besucht am 16.07.2025).
- [17] Ahmed M. Abdelmoez et al. „Comparative profiling of skeletal muscle models reveals heterogeneity of transcriptome and metabolism“. In: *American Journal of Physiology - Cell Physiology* 318.3 (März 2020), S. C615–C626. ISSN: 0363-6143. doi: [10.1152/ajpcell.00540.2019](https://doi.org/10.1152/ajpcell.00540.2019). URL: <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC7099524/> (besucht am 16.07.2025).

- [18] Haruki Inoue et al. „Automatic Quantitative Segmentation of Myotubes Reveals Single-cell Dynamics of S6 Kinase Activation“. eng. In: *Cell Structure and Function* 43.2 (Aug. 2018), S. 153–169. ISSN: 1347-3700. doi: [10.1247/csf.18012](https://doi.org/10.1247/csf.18012).
- [19] Josh Moore et al. „OME-NGFF: a next-generation file format for expanding bioimaging data-access strategies“. en. In: *Nature Methods* 18.12 (Dez. 2021), S. 1496–1498. ISSN: 1548-7105. doi: [10.1038/s41592-021-01326-w](https://doi.org/10.1038/s41592-021-01326-w). URL: <https://www.nature.com/articles/s41592-021-01326-w> (besucht am 03.09.2025).
- [20] Mingjie Pan et al. „DiffuseIR: diffusion models for isotropic reconstruction of 3D microscopic images“. In: *International Conference on Medical Image Computing and Computer-Assisted Intervention*. Springer. 2023, S. 323–332.
- [21] Xuesong Li et al. „Three-dimensional structured illumination microscopy with enhanced axial resolution“. In: *Nature Biotechnology* 41.9 (2023), S. 1307–1319. ISSN: 1087-0156. doi: [10.1038/s41587-022-01651-1](https://doi.org/10.1038/s41587-022-01651-1). URL: <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC10497409/> (besucht am 03.09.2025).
- [22] Neda Bagheri et al. „The new era of quantitative cell imaging—challenges and opportunities“. In: *Molecular cell* 82.2 (Jan. 2022), S. 241–247. ISSN: 1097-2765. doi: [10.1016/j.molcel.2021.12.024](https://doi.org/10.1016/j.molcel.2021.12.024). URL: <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC10339817/> (besucht am 03.09.2025).
- [23] Ze Liu et al. „Swin transformer: Hierarchical vision transformer using shifted windows“. In: *Proceedings of the IEEE/CVF international conference on computer vision*. 2021, S. 10012–10022.
- [24] Jim James et al. „Segmentation of tomography datasets using 3D convolutional neural networks“. In: *Computational Materials Science* 216 (Jan. 2023), S. 111847. ISSN: 0927-0256. doi: [10.1016/j.commatsci.2022.111847](https://doi.org/10.1016/j.commatsci.2022.111847). URL: <https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S0927025622005584> (besucht am 03.09.2025).
- [25] Henry Chan et al. „Machine learning enabled autonomous microstructural characterization in 3D samples“. en. In: *npj Computational Materials* 6.1 (Jan. 2020), S. 1. ISSN: 2057-3960. doi: [10.1038/s41524-019-0267-z](https://doi.org/10.1038/s41524-019-0267-z). URL: <https://www.nature.com/articles/s41524-019-0267-z> (besucht am 03.09.2025).
- [26] Yu Hirabayashi et al. „Deep learning for three-dimensional segmentation of electron microscopy images of complex ceramic materials“. en. In: *npj Computational Materials* 10.1 (März 2024), S. 46. ISSN: 2057-3960. doi: [10.1038/s41524-024-01226-5](https://doi.org/10.1038/s41524-024-01226-5). URL: <https://www.nature.com/articles/s41524-024-01226-5> (besucht am 03.09.2025).

- [27] P. A. Midgley und M. Weyland. „3D electron microscopy in the physical sciences: the development of Z-contrast and EFTEM tomography“. In: *Ultramicroscopy*. Proceedings of the International Workshop on Strategies and Advances in Atomic Level Spectroscopy and Analysis 96.3 (Sep. 2003), S. 413–431. ISSN: 0304-3991. doi: [10.1016/S0304-3991\(03\)00105-0](https://doi.org/10.1016/S0304-3991(03)00105-0). URL: <https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S0304399103001050> (besucht am 03.09.2025).
- [28] P. R. Smith. „Bilinear interpolation of digital images“. In: *Ultramicroscopy* 6.2 (Jan. 1981), S. 201–204. ISSN: 0304-3991. doi: [10.1016/0304-3991\(81\)90061-9](https://doi.org/10.1016/0304-3991(81)90061-9). URL: <https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/0304399181900619> (besucht am 05.09.2025).
- [29] Sergey Ioffe und Christian Szegedy. „Batch normalization: Accelerating deep network training by reducing internal covariate shift“. In: *International conference on machine learning*. pmlr, 2015, S. 448–456. URL: <http://proceedings.mlr.press/v37/ioffe15.html> (besucht am 05.09.2025).
- [30] Jimmy Lei Ba, Jamie Ryan Kiros und Geoffrey E Hinton. „Layer normalization“. In: *arXiv preprint arXiv:1607.06450* (2016).
- [31] Shibani Santurkar et al. „How Does Batch Normalization Help Optimization?“ In: *Advances in Neural Information Processing Systems*. Bd. 31. Curran Associates, Inc., 2018. URL: <https://proceedings.neurips.cc/paper/2018/hash/905056c1ac1dad141560467e0a99e1cf-Abstract.html> (besucht am 05.09.2025).
- [32] Jingjing Xu et al. „Understanding and Improving Layer Normalization“. In: *Advances in Neural Information Processing Systems*. Bd. 32. Curran Associates, Inc., 2019. URL: <https://proceedings.neurips.cc/paper/2019/hash/2f4fe03d77724a7217006e5d16728874-Abstract.html> (besucht am 05.09.2025).
- [33] Sainbayar Sukhbaatar et al. „Training convolutional networks with noisy labels“. In: *arXiv preprint arXiv:1406.2080* (2014).
- [34] Elliott Gordon-Rodriguez et al. „Uses and Abuses of the Cross-Entropy Loss: Case Studies in Modern Deep Learning“. en. In: PMLR, Feb. 2020, S. 1–10. URL: <https://proceedings.mlr.press/v137/gordon-rodriguez20a.html> (besucht am 17.09.2025).
- [35] Anqi Mao, Mehryar Mohri und Yutao Zhong. „Cross-Entropy Loss Functions: Theoretical Analysis and Applications“. en. In: PMLR, Juli 2023, S. 23803–23828. URL: <https://proceedings.mlr.press/v202/mao23b.html> (besucht am 17.09.2025).
- [36] Jacob Goldberger und Ehud Ben-Reuven. „Training deep neural-networks using a noise adaptation layer“. In: *International conference on learning representations*. 2017. URL: <https://openreview.net/forum?id=H12GRgcxg> (besucht am 17.09.2025).

- [37] Bo Han et al. „Masking: A New Perspective of Noisy Supervision“. In: *Advances in Neural Information Processing Systems*. Bd. 31. Curran Associates, Inc., 2018. URL: https://proceedings.neurips.cc/paper_files/paper/2018/hash/aee92f16efd522b9326c25cc3237ac15-Abstract.html (besucht am 17.09.2025).
- [38] Dan Hendrycks et al. „Using Trusted Data to Train Deep Networks on Labels Corrupted by Severe Noise“. In: *Advances in Neural Information Processing Systems*. Bd. 31. Curran Associates, Inc., 2018. URL: https://proceedings.neurips.cc/paper_files/paper/2018/hash/ad554d8c3b06d6b97ee76a2448bd7913-Abstract.html (besucht am 17.09.2025).
- [39] Zhilu Zhang und Mert Sabuncu. „Generalized Cross Entropy Loss for Training Deep Neural Networks with Noisy Labels“. In: *Advances in Neural Information Processing Systems*. Bd. 31. Curran Associates, Inc., 2018. URL: <https://proceedings.neurips.cc/paper/2018/hash/f2925f97bc13ad2852a7a551802feea0-Abstract.html> (besucht am 17.09.2025).
- [40] Yaroslav Ganin und Victor Lempitsky. „Unsupervised domain adaptation by back-propagation“. In: *International conference on machine learning*. PMLR. 2015, S. 1180–1189.
- [41] Han Zhu et al. „Domain adaptation using class similarity for robust speech recognition“. In: *arXiv preprint arXiv:2011.02782* (2020).
- [42] Tahereh Koohi-Var und Morteza Zahedi. „Cross-domain graph based similarity measurement of workflows“. In: *Journal of Big Data* 5 (2018), S. 1–16.
- [43] Yuanzhe Cai et al. „Efficient algorithm for computing link-based similarity in real world networks“. In: *2009 Ninth IEEE International Conference on Data Mining*. IEEE. 2009, S. 734–739.
- [44] Wei Yuan, Jianfeng Gao und Hisami Suzuki. „An empirical study on language model adaptation using a metric of domain similarity“. In: *International Conference on Natural Language Processing*. Springer. 2005, S. 957–968.
- [45] Lothar Schermelleh et al. „Subdiffraction multicolor imaging of the nuclear periphery with 3D structured illumination microscopy“. eng. In: *Science (New York, N.Y.)* 320.5881 (Juni 2008), S. 1332–1336. ISSN: 1095-9203. DOI: [10.1126/science.1156947](https://doi.org/10.1126/science.1156947).
- [46] Hong-Shang Peng und Daniel T. Chiu. „Soft fluorescent nanomaterials for biological and biomedical imaging“. en. In: *Chemical Society Reviews* 44.14 (2015), S. 4699–4722. DOI: [10.1039/C4CS00294F](https://doi.org/10.1039/C4CS00294F). URL: <https://pubs.rsc.org/en/content/articlelanding/2015/cs/c4cs00294f> (besucht am 03.09.2025).

- [47] Rehan Ali et al. „Automatic segmentation of adherent biological cell boundaries and nuclei from brightfield microscopy images“. en. In: *Machine Vision and Applications* 23.4 (Juli 2012), S. 607–621. ISSN: 1432-1769. doi: [10.1007/s00138-011-0337-9](https://doi.org/10.1007/s00138-011-0337-9). URL: <https://doi.org/10.1007/s00138-011-0337-9> (besucht am 03.09.2025).
- [48] Mei Wang und Weihong Deng. „Deep visual domain adaptation: A survey“. In: *Neurocomputing* 312 (2018), S. 135–153.
- [49] Xingchao Peng et al. „Visda: The visual domain adaptation challenge“. In: *arXiv preprint arXiv:1710.06924* (2017).
- [50] Tianyu Han, Lifeng Zhang und Shixiang Jia. „Bin similarity-based domain adaptation for fine-grained image classification“. In: *International Journal of Intelligent Systems* 37.3 (2022), S. 2319–2334.
- [51] Pedro O Pinheiro. „Unsupervised domain adaptation with similarity learning“. In: *Proceedings of the IEEE conference on computer vision and pattern recognition*. 2018, S. 8004–8013.
- [52] Yaroslav Ganin et al. „Domain-adversarial training of neural networks“. In: *Journal of machine learning research* 17.59 (2016), S. 1–35.
- [53] Soumyadeep Ghosh et al. „Domain Adaptation for Visual Understanding“. en. In: Hrsg. von Richa Singh et al. Cham: Springer International Publishing, 2020, S. 1–15. ISBN: 9783030306717. doi: [10.1007/978-3-030-30671-7_1](https://doi.org/10.1007/978-3-030-30671-7_1). URL: https://doi.org/10.1007/978-3-030-30671-7_1 (besucht am 05.09.2025).
- [54] Bharath Hariharan et al. „Simultaneous Detection and Segmentation“. en. In: Hrsg. von David Fleet et al. Bd. 8695. Cham: Springer International Publishing, 2014, S. 297–312. ISBN: 9783319105833 9783319105840. doi: [10.1007/978-3-319-10584-0_20](https://doi.org/10.1007/978-3-319-10584-0_20). URL: http://link.springer.com/10.1007/978-3-319-10584-0_20 (besucht am 05.08.2025).
- [55] John Winn und Jamie Shotton. „The layout consistent random field for recognizing and segmenting partially occluded objects“. In: *2006 IEEE Computer Society Conference on Computer Vision and Pattern Recognition (CVPR'06)*. Bd. 1. IEEE, 2006, S. 37–44. URL: <https://ieeexplore.ieee.org/abstract/document/1640739/> (besucht am 05.08.2025).
- [56] Alexander Kirillov et al. „Panoptic segmentation“. In: *Proceedings of the IEEE/CVF conference on computer vision and pattern recognition*. 2019, S. 9404–9413. URL: http://openaccess.thecvf.com/content_CVPR_2019/html/Kirillov_Panoptic_Segmentation_CVPR_2019_paper.html (besucht am 05.08.2025).

- [57] Shervin Minaee et al. „Image segmentation using deep learning: A survey“. In: *IEEE transactions on pattern analysis and machine intelligence* 44.7 (2021), S. 3523–3542. URL: <https://ieeexplore.ieee.org/abstract/document/9356353/> (besucht am 05.08.2025).
- [58] Anurag Arnab und Philip HS Torr. „Pixelwise instance segmentation with a dynamically instantiated network“. In: *Proceedings of the IEEE conference on computer vision and pattern recognition*. 2017, S. 441–450. URL: http://openaccess.thecvf.com/content_cvpr_2017/html/Arnab_Pixelwise_Instance_Segmentation_CVPR_2017_paper.html (besucht am 05.08.2025).
- [59] Liang-Chieh Chen et al. „Masklab: Instance segmentation by refining object detection with semantic and direction features“. In: *Proceedings of the IEEE conference on computer vision and pattern recognition*. 2018, S. 4013–4022. URL: http://openaccess.thecvf.com/content_cvpr_2018/html/Chen_MaskLab_Instance_Segmentation_CVPR_2018_paper.html (besucht am 05.08.2025).
- [60] Olaf Ronneberger, Philipp Fischer und Thomas Brox. „U-Net: Convolutional Networks for Biomedical Image Segmentation“. en. In: Hrsg. von Nassir Navab et al. Bd. 9351. Cham: Springer International Publishing, 2015, S. 234–241. ISBN: 9783319245737 9783319245744. doi: [10.1007/978-3-319-24574-4_28](https://doi.org/10.1007/978-3-319-24574-4_28). URL: http://link.springer.com/10.1007/978-3-319-24574-4_28 (besucht am 05.08.2025).
- [61] Ross Girshick et al. „Rich feature hierarchies for accurate object detection and semantic segmentation“. In: *Proceedings of the IEEE conference on computer vision and pattern recognition*. 2014, S. 580–587. URL: http://openaccess.thecvf.com/content_cvpr_2014/html/Girshick_Rich_Feature_Hierarchies_2014_CVPR_paper.html (besucht am 05.08.2025).
- [62] Jonathan Long, Evan Shelhamer und Trevor Darrell. „Fully convolutional networks for semantic segmentation“. In: *Proceedings of the IEEE conference on computer vision and pattern recognition*. 2015, S. 3431–3440. URL: http://openaccess.thecvf.com/content_cvpr_2015/html/Long_Fully_Convolutional_Networks_2015_CVPR_paper.html (besucht am 05.08.2025).
- [63] Matthew D. Zeiler et al. „Deconvolutional networks“. In: ISSN: 1063-6919. Juni 2010, S. 2528–2535. doi: [10.1109/CVPR.2010.5539957](https://doi.org/10.1109/CVPR.2010.5539957). URL: <https://ieeexplore.ieee.org/document/5539957> (besucht am 27.08.2025).
- [64] Matthew D. Zeiler und Rob Fergus. „Visualizing and Understanding Convolutional Networks“. en. In: *Computer Vision – ECCV 2014*. Hrsg. von David Fleet et al. Cham: Springer International Publishing, 2014, S. 818–833. ISBN: 9783319105901. doi: [10.1007/978-3-319-10590-1_53](https://doi.org/10.1007/978-3-319-10590-1_53).

- [65] Hyeonwoo Noh, Seunghoon Hong und Bohyung Han. „Learning Deconvolution Network for Semantic Segmentation“. In: ISSN: 2380-7504. Dez. 2015, S. 1520–1528. doi: [10.1109/ICCV.2015.178](https://doi.org/10.1109/ICCV.2015.178). URL: <https://ieeexplore.ieee.org/document/7410535> (besucht am 27.08.2025).
- [66] Mohammadreza Mostajabi, Payman Yadollahpour und Gregory Shakhnarovich. „Feed-forward semantic segmentation with zoom-out features“. In: *Proceedings of the IEEE conference on computer vision and pattern recognition*. 2015, S. 3376–3385. URL: http://openaccess.thecvf.com/content_cvpr_2015/html/Mostajabi_Feedforward_Semantic_Segmentation_2015_CVPR_paper.html (besucht am 27.08.2025).
- [67] Jiuxiang Gu et al. „Recent advances in convolutional neural networks“. In: *Pattern recognition* 77 (2018), S. 354–377. URL: <https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S0031320317304120> (besucht am 27.08.2025).
- [68] Keinosuke Fukunaga. „Statistical pattern recognition“. In: WORLD SCIENTIFIC, Aug. 1993, S. 33–60. ISBN: 9789810211363. doi: [10.1142/9789814343138_0002](https://doi.org/10.1142/9789814343138_0002). URL: https://www.worldscientific.com/doi/abs/10.1142/9789814343138_0002 (besucht am 31.07.2025).
- [69] S.R. Kulkarni, G. Lugosi und S.S. Venkatesh. „Learning pattern classification-a survey“. In: *IEEE Transactions on Information Theory* 44.6 (Okt. 1998), S. 2178–2206. ISSN: 1557-9654. doi: [10.1109/18.720536](https://doi.org/10.1109/18.720536). URL: <https://ieeexplore.ieee.org/abstract/document/720536> (besucht am 31.07.2025).
- [70] A. K. Jain, M. N. Murty und P. J. Flynn. „Data clustering: a review“. In: *ACM Comput. Surv.* 31.3 (Sep. 1999), S. 264–323. ISSN: 0360-0300. doi: [10.1145/331499.331504](https://doi.org/10.1145/331499.331504). URL: <https://doi.acm.org/doi/10.1145/331499.331504> (besucht am 28.08.2025).
- [71] Shai Shalev-Shwartz und Shai Ben-David. *Understanding Machine Learning: From Theory to Algorithms*. en. Google-Books-ID: Hf6QAwAAQBAJ. Cambridge University Press, Mai 2014. ISBN: 9781139952743.
- [72] Marco Loog. „Supervised classification: Quite a brief overview“. In: *Machine Learning Techniques for Space Weather* (2018), S. 113–145. URL: <https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/B9780128117880000056> (besucht am 31.07.2025).
- [73] Isabelle Guyon und André Elisseeff. „An Introduction to Feature Extraction“. en. In: Hrsg. von Isabelle Guyon et al. Berlin, Heidelberg: Springer, 2006, S. 1–25. ISBN: 9783540354888. doi: [10.1007/978-3-540-35488-8_1](https://doi.org/10.1007/978-3-540-35488-8_1). URL: https://doi.org/10.1007/978-3-540-35488-8_1 (besucht am 31.07.2025).
- [74] M. Kunaver und J.F. Tasic. „Image feature extraction - an overview“. In: Bd. 1. Nov. 2005, S. 183–186. doi: [10.1109/EURCON.2005.1629889](https://doi.org/10.1109/EURCON.2005.1629889). URL: <https://ieeexplore.ieee.org/abstract/document/1629889> (besucht am 04.08.2025).

- [75] Wamidh K. Mutlag et al. „Feature Extraction Methods: A Review“. en. In: *Journal of Physics: Conference Series* 1591.1 (Juli 2020), S. 012028. ISSN: 1742-6596. doi: [10.1088/1742-6596/1591/1/012028](https://doi.org/10.1088/1742-6596/1591/1/012028). URL: <https://dx.doi.org/10.1088/1742-6596/1591/1/012028> (besucht am 31.07.2025).
- [76] Charles T. Zahn und Ralph Z. Roskies. „Fourier Descriptors for Plane Closed Curves“. In: *IEEE Transactions on Computers* C-21.3 (März 1972), S. 269–281. ISSN: 1557-9956. doi: [10.1109/TC.1972.5008949](https://doi.org/10.1109/TC.1972.5008949). URL: <https://ieeexplore.ieee.org/abstract/document/5008949> (besucht am 28.08.2025).
- [77] Frank P Kuhl und Charles R Giardina. „Elliptic Fourier features of a closed contour“. In: *Computer Graphics and Image Processing* 18.3 (März 1982), S. 236–258. ISSN: 0146-664X. doi: [10.1016/0146-664X\(82\)90034-X](https://doi.org/10.1016/0146-664X(82)90034-X). URL: <https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/0146664X8290034X> (besucht am 28.08.2025).
- [78] Karl Pearson. „LIII. On lines and planes of closest fit to systems of points in space“. In: *The London, Edinburgh, and Dublin philosophical magazine and journal of science* 2.11 (1901), S. 559–572.
- [79] H. Hotelling. „Analysis of a complex of statistical variables into principal components“. In: *Journal of Educational Psychology* 24.6 (1933), S. 417–441. ISSN: 1939-2176. doi: [10.1037/h0071325](https://doi.org/10.1037/h0071325).
- [80] Rui Xu und D. Wunsch. „Survey of clustering algorithms“. In: *IEEE Transactions on Neural Networks* 16.3 (Mai 2005), S. 645–678. ISSN: 1941-0093. doi: [10.1109/TNN.2005.845141](https://doi.org/10.1109/TNN.2005.845141). URL: <https://ieeexplore.ieee.org/abstract/document/1427769> (besucht am 28.08.2025).
- [81] Bernhard E. Boser, Isabelle M. Guyon und Vladimir N. Vapnik. „A training algorithm for optimal margin classifiers“. In: *Proceedings of the fifth annual workshop on Computational learning theory*. COLT '92. New York, NY, USA: Association for Computing Machinery, Juli 1992, S. 144–152. ISBN: 9780897914970. doi: [10.1145/130385.130401](https://doi.org/10.1145/130385.130401). URL: <https://dl.acm.org/doi/10.1145/130385.130401> (besucht am 28.08.2025).
- [82] David Yarowsky. „Unsupervised word sense disambiguation rivaling supervised methods“. In: *Proceedings of the 33rd annual meeting on Association for Computational Linguistics*. ACL '95. USA: Association for Computational Linguistics, Juni 1995, S. 189–196. doi: [10.3115/981658.981684](https://doi.org/10.3115/981658.981684). URL: <https://dl.acm.org/doi/10.3115/981658.981684> (besucht am 28.08.2025).
- [83] Bernhard Schölkopf. „Support vector learning“. PhD Thesis. Oldenbourg München, Germany, 1997. URL: https://pure.mpg.de/rest/items/item_1794215/component/file_3214422/content (besucht am 28.08.2025).
- [84] Alexander J. Smola und Bernhard Schölkopf. *Learning with kernels*. Bd. 4. Citeseer, 1998. URL: <https://citeseerx.ist.psu.edu/document?repid=rep1&type=pdf&doi=1655f14b601fe6ff80ca935091e3cd78c9733d86> (besucht am 28.08.2025).

- [85] Dengyong Zhou et al. „Learning with Local and Global Consistency“. In: *Advances in Neural Information Processing Systems*. Bd. 16. MIT Press, 2003. URL: <https://proceedings.neurips.cc/paper/2003/hash/87682805257e619d49b8e0dAbstract.html> (besucht am 28.08.2025).
- [86] David Lowe und D. Broomhead. „Multivariable functional interpolation and adaptive networks“. In: *Complex systems* 2.3 (1988), S. 321–355. URL: <http://wpmedia.wolfram.com/uploads/sites/13/2018/02/02-3-5.pdf> (besucht am 28.08.2025).
- [87] Olivier Delalleau, Yoshua Bengio und Nicolas Le Roux. „Efficient non-parametric function induction in semi-supervised learning“. In: *International Workshop on Artificial Intelligence and Statistics*. PMLR, 2005, S. 96–103. URL: <http://proceedings.mlr.press/r5/delalleau05a/delalleau05a.pdf> (besucht am 28.08.2025).
- [88] Sotiris B. Kotsiantis, Ioannis Zaharakis und P. Pintelas. „Supervised machine learning: A review of classification techniques“. In: *Emerging artificial intelligence applications in computer engineering* 160.1 (2007), S. 3–24. URL: [https://books.google.com/books?hl=de&lr=&id=vLiTXDhr_sYC&oi=fnd&pg=PA3&dq=Kotsiantis+\(2007\)+Supervised+machine+learning:+A+review+of+classification+techniques&ots=C_pvsyXHon&sig=cptgUhNhe2RQAWGK255KwytI0R4](https://books.google.com/books?hl=de&lr=&id=vLiTXDhr_sYC&oi=fnd&pg=PA3&dq=Kotsiantis+(2007)+Supervised+machine+learning:+A+review+of+classification+techniques&ots=C_pvsyXHon&sig=cptgUhNhe2RQAWGK255KwytI0R4) (besucht am 31.07.2025).
- [89] G. Hughes. „On the mean accuracy of statistical pattern recognizers“. In: *IEEE Transactions on Information Theory* 14.1 (Jan. 1968), S. 55–63. ISSN: 1557-9654. doi: [10.1109/TIT.1968.1054102](https://doi.org/10.1109/TIT.1968.1054102). URL: <https://ieeexplore.ieee.org/abstract/document/1054102> (besucht am 29.08.2025).
- [90] Asifullah Khan et al. „A survey of the vision transformers and their CNN-transformer based variants“. en. In: *Artificial Intelligence Review* 56.3 (Dez. 2023), S. 2917–2970. ISSN: 1573-7462. doi: [10.1007/s10462-023-10595-0](https://doi.org/10.1007/s10462-023-10595-0). URL: <https://doi.org/10.1007/s10462-023-10595-0> (besucht am 04.08.2025).
- [91] Alex Krizhevsky, Ilya Sutskever und Geoffrey E Hinton. „ImageNet Classification with Deep Convolutional Neural Networks“. In: *Advances in Neural Information Processing Systems*. Bd. 25. Curran Associates, Inc., 2012. URL: <https://proceedings.neurips.cc/paper/2012/hash/c399862d3b9d6b76c8436e9Abstract.html> (besucht am 04.08.2025).
- [92] Max Bain et al. „Frozen in Time: A Joint Video and Image Encoder for End-to-End Retrieval“. en. In: 2021, S. 1728–1738. URL: https://openaccess.thecvf.com/content/ICCV2021/html/Bain_Frozen_in_Time_A_Joint_Video_and_Image_Encoder_for_ICCV_2021_paper.html (besucht am 04.08.2025).

- [93] Jo Plested und Tom Gedeon. „Deep transfer learning for image classification: a survey“. In: *arXiv preprint arXiv:2205.09904* (Mai 2022). arXiv:2205.09904 [cs]. doi: [10.48550/arXiv.2205.09904](https://doi.org/10.48550/arXiv.2205.09904). URL: <http://arxiv.org/abs/2205.09904> (besucht am 04.08.2025).
- [94] Alireza Ghods und Diane J Cook. „A Survey of Techniques All Classifiers Can Learn from Deep Networks: Models, Optimizations, and Regularization“. In: *arXiv preprint arXiv:1909.04791* (Sep. 2019). arXiv:1909.04791 [cs]. doi: [10.48550/arXiv.1909.04791](https://doi.org/10.48550/arXiv.1909.04791). URL: <http://arxiv.org/abs/1909.04791> (besucht am 04.08.2025).
- [95] Jürgen Schmidhuber. „Deep learning in neural networks: An overview“. In: *Neural Networks* 61 (Jan. 2015), S. 85–117. ISSN: 0893-6080. doi: [10.1016/j.neunet.2014.09.003](https://doi.org/10.1016/j.neunet.2014.09.003). URL: <https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S0893608014002135> (besucht am 04.08.2025).
- [96] Christoffer Edlund et al. „LIVECell—A large-scale dataset for label-free live cell segmentation“. In: *Nature methods* 18.9 (2021), S. 1038–1045.
- [97] Nicola Dietler et al. „A convolutional neural network segments yeast microscopy images with high accuracy“. In: *Nature communications* 11.1 (2020), S. 5723.
- [98] S. Holden und M. Conduit. *DeepBacs – Bacillus subtilis fluorescence segmentation dataset*. Data set. 2021. doi: [10.5281/zenodo.5550968](https://doi.org/10.5281/zenodo.5550968). URL: <https://doi.org/10.5281/zenodo.5550968>.
- [99] Christoph Spahn et al. „DeepBacs: Bacterial image analysis using open-source deep learning approaches“. In: *bioRxiv* (2021). doi: [10.1101/2021.11.03.467152](https://doi.org/10.1101/2021.11.03.467152). URL: <https://www.biorxiv.org/content/early/2021/11/03/2021.11.03.467152>.
- [100] Vladimír Ulman et al. „An objective comparison of cell-tracking algorithms“. In: *Nature methods* 14.12 (2017), S. 1141–1152.
- [101] Neeraj Kumar et al. „A dataset and a technique for generalized nuclear segmentation for computational pathology“. In: *IEEE transactions on medical imaging* 36.7 (2017), S. 1550–1560.
- [102] Noah F Greenwald et al. „Whole-cell segmentation of tissue images with human-level performance using large-scale data annotation and deep learning“. In: *Nature biotechnology* 40.4 (2022), S. 555–565.
- [103] Florian Kromp et al. „An annotated fluorescence image dataset for training nuclear segmentation methods“. In: *Nature Scientific Data* 7.262 (2020), S. 1–8. doi: [10.1038/s41597-020-00608-w](https://doi.org/10.1038/s41597-020-00608-w).
- [104] Alain Chen et al. „3d ground truth annotations of nuclei in 3d microscopy volumes“. In: *bioRxiv* (2022), S. 2022–09.
- [105] Chichen Fu et al. „Three dimensional fluorescence microscopy image synthesis and segmentation“. In: *Proceedings of the IEEE conference on computer vision and pattern recognition workshops*. 2018, S. 2221–2229.

- [106] Nazmiye Ceren Abay et al. „Privacy Preserving Synthetic Data Release Using Deep Learning“. en. In: *Joint European Conference on Machine Learning and Knowledge Discovery in Databases*. Hrsg. von Michele Berlingario et al. Bd. 11051. Cham: Springer International Publishing, 2019, S. 510–526. ISBN: 9783030109240 9783030109257. doi: [10 . 1007 / 978 - 3 - 030 - 10925 - 7 _ 31](https://doi.org/10.1007/978-3-030-10925-7_31). url: [https : // link . springer . com / 10 . 1007 / 978 - 3 - 030 - 10925 - 7 _ 31](https://link.springer.com/10.1007/978-3-030-10925-7_31) (besucht am 27.08.2025).
- [107] Trivellore E. Raghunathan. „Synthetic Data“. en. In: *Annual Review of Statistics and Its Application* 8.1 (März 2021), S. 129–140. ISSN: 2326-8298, 2326-831X. doi: [10 . 1146 / annurev - statistics - 040720 - 031848](https://doi.org/10.1146/annurev-statistics-040720-031848). url: [https : // www.annualreviews.org/doi/10.1146/annurev-statistics-040720-031848](https://www.annualreviews.org/doi/10.1146/annurev-statistics-040720-031848) (besucht am 27.08.2025).
- [108] Sergey I Nikolenko et al. *Synthetic data for deep learning*. Bd. 174. Springer, 2021.
- [109] Edward Choi et al. „Generating multi-label discrete patient records using generative adversarial networks“. In: *Machine learning for healthcare conference*. PMLR, 2017, S. 286–305. url: [http : // proceedings . mlr . press / v68 / choi17a](http://proceedings.mlr.press/v68/choi17a) (besucht am 27.08.2025).
- [110] Yingzhou Lu et al. „Machine learning for synthetic data generation: a review“. In: *arXiv preprint arXiv:2302.04062* (2023).
- [111] Roman Bruch et al. „Improving 3D deep learning segmentation with biophysically motivated cell synthesis“. In: *Communications Biology* 8.1 (2025), S. 43.
- [112] Rishi Bommasani et al. „On the opportunities and risks of foundation models“. In: *arXiv preprint arXiv:2108.07258* (2021).
- [113] Jason Yosinski et al. „How transferable are features in deep neural networks?“ In: *Advances in neural information processing systems* 27 (2014). url: [https : // proceedings . neurips . cc / paper _ files / paper / 2014 / file / 375c71349b295fbe2dcdca9206f20a06 - Paper . pdf](https://proceedings.neurips.cc/paper_files/paper/2014/file/375c71349b295fbe2dcdca9206f20a06 - Paper . pdf) (besucht am 05.08.2025).
- [114] Jonas Dippel et al. „Transfer Learning for Segmentation Problems: Choose the Right Encoder and Skip the Decoder“. In: *arXiv preprint arXiv:2207.14508* (2022).
- [115] Huiyu Wang et al. „Max-deeplab: End-to-end panoptic segmentation with mask transformers“. In: *Proceedings of the IEEE/CVF conference on computer vision and pattern recognition*. 2021, S. 5463–5474.
- [116] Xueyan Zou et al. „Segment everything everywhere all at once“. In: *Advances in neural information processing systems* 36 (2023), S. 19769–19782.
- [117] Jitesh Jain et al. „Oneformer: One transformer to rule universal image segmentation“. In: *Proceedings of the IEEE/CVF conference on computer vision and pattern recognition*. 2023, S. 2989–2998.

- [118] Feng Li et al. „Mask dino: Towards a unified transformer-based framework for object detection and segmentation“. In: *Proceedings of the IEEE/CVF conference on computer vision and pattern recognition*. 2023, S. 3041–3050.
- [119] Alexander Kirillov et al. „Segment anything“. In: *Proceedings of the IEEE/CVF international conference on computer vision*. 2023, S. 4015–4026.
- [120] Alexey Dosovitskiy et al. „An image is worth 16x16 words: Transformers for image recognition at scale“. In: *arXiv preprint arXiv:2010.11929* (2020).
- [121] Kaiming He et al. „Masked autoencoders are scalable vision learners“. In: *Proceedings of the IEEE/CVF conference on computer vision and pattern recognition*. 2022, S. 16000–16009.
- [122] Alec Radford et al. „Learning Transferable Visual Models From Natural Language Supervision“. en. In: PMLR, Juli 2021, S. 8748–8763. URL: <https://proceedings.mlr.press/v139/radford21a.html> (besucht am 10.07.2025).
- [123] Anwai Archit et al. „Segment anything for microscopy“. In: *Nature Methods* (2025), S. 1–13.
- [124] Uriah Israel et al. „A foundation model for cell segmentation“. In: *arXiv preprint arXiv:2311.11004* (2023).
- [125] Alexandra D VandeLoo et al. „SAMCell: Generalized Label-Free Biological Cell Segmentation with Segment Anything“. In: *bioRxiv* (2025).
- [126] Carsen Stringer et al. „Cellpose: a generalist algorithm for cellular segmentation“. In: *Nature methods* 18.1 (2021), S. 100–106.
- [127] Marius Pachitariu, Michael Rariden und Carsen Stringer. „Cellpose-SAM: superhuman generalization for cellular segmentation“. In: *bioRxiv* (2025), S. 2025–04.
- [128] David A Van Valen et al. „Deep learning automates the quantitative analysis of individual cells in live-cell imaging experiments“. In: *PLoS computational biology* 12.11 (2016), e1005177.
- [129] Dylan Bannon et al. „DeepCell Kiosk: scaling deep learning–enabled cellular image analysis with Kubernetes“. In: *Nature methods* 18.1 (2021), S. 43–45.
- [130] Noah F Greenwald et al. „Whole-cell segmentation of tissue images with human-level performance using large-scale data annotation and deep learning“. In: *Nature biotechnology* 40.4 (2022), S. 555–565.
- [131] Erick Moen et al. „Accurate cell tracking and lineage construction in live-cell imaging experiments with deep learning“. In: *Biorxiv* (2019), S. 803205.
- [132] Mingxing Tan und Quoc Le. „Efficientnetv2: Smaller models and faster training“. In: *International conference on machine learning*. PMLR, 2021, S. 10096–10106. URL: <http://proceedings.mlr.press/v139/tan21a.html> (besucht am 05.08.2025).
- [133] Fabian Isensee et al. „nnU-Net: a self-configuring method for deep learning-based biomedical image segmentation“. In: *Nature methods* 18.2 (2021), S. 203–211.

- [134] Jonas Dippel et al. „Transfer Learning for Segmentation Problems: Choose the Right Encoder and Skip the Decoder“. In: *arXiv preprint arXiv:2207.14508* (2022).
- [135] Olga Russakovsky et al. „ImageNet Large Scale Visual Recognition Challenge“. en. In: *International Journal of Computer Vision* 115.3 (Dez. 2015), S. 211–252. ISSN: 0920-5691, 1573-1405. DOI: [10.1007/s11263-015-0816-y](https://doi.org/10.1007/s11263-015-0816-y). URL: <http://link.springer.com/10.1007/s11263-015-0816-y> (besucht am 18.08.2025).
- [136] Yang You et al. „ImageNet Training in Minutes“. en. In: *Proceedings of the 47th International Conference on Parallel Processing*. Eugene OR USA: ACM, Aug. 2018, S. 1–10. ISBN: 9781450365109. DOI: [10.1145/3225058.3225069](https://doi.org/10.1145/3225058.3225069). URL: <https://dl.acm.org/doi/10.1145/3225058.3225069> (besucht am 18.08.2025).
- [137] Simon Kornblith, Jonathon Shlens und Quoc V. Le. „Do Better ImageNet Models Transfer Better?“ In: *Proceedings of the IEEE/CVF Conference on Computer Vision and Pattern Recognition (CVPR)*. Juni 2019, S. 2661–2671. URL: https://openaccess.thecvf.com/content_CVPR_2019/html/Kornblith_Do_Better_ImageNet_Models_Transfer_Better_CVPR_2019_paper.html (besucht am 18.08.2025).
- [138] Lucas Beyer et al. „Are we done with ImageNet?“ In: *arXiv preprint arXiv:2006.07159* (Juni 2020). arXiv:2006.07159 [cs]. DOI: [10.48550/arXiv.2006.07159](https://doi.org/10.48550/arXiv.2006.07159). URL: <http://arxiv.org/abs/2006.07159> (besucht am 18.08.2025).
- [139] Benjamin Recht et al. „Do imagenet classifiers generalize to imagenet?“ In: *International conference on machine learning*. PMLR, 2019, S. 5389–5400. URL: [http://proceedings.mlr.press/v97/recht19a.html](https://proceedings.mlr.press/v97/recht19a.html) (besucht am 18.08.2025).
- [140] Kaiming He et al. „Deep residual learning for image recognition“. In: *Proceedings of the IEEE conference on computer vision and pattern recognition*. 2016, S. 770–778. URL: https://openaccess.thecvf.com/content_cvpr_2016/html/He_Deep_Residual_Learning_CVPR_2016_paper.html (besucht am 11.08.2025).
- [141] Kaiming He und Jian Sun. „Convolutional neural networks at constrained time cost“. In: *Proceedings of the IEEE conference on computer vision and pattern recognition*. 2015, S. 5353–5360. URL: https://www.cv-foundation.org/openaccess/content_cvpr_2015/html/He_Convolutional_Neural_Networks_2015_CVPR_paper.html (besucht am 18.08.2025).
- [142] Rupesh Kumar Srivastava, Klaus Greff und Jürgen Schmidhuber. „Highway networks“. In: *arXiv preprint arXiv:1505.00387* (2015).

-
- [143] Sergey Ioffe. „Batch renormalization: Towards reducing minibatch dependence in batch-normalized models“. In: *Advances in neural information processing systems* 30 (2017). URL: <https://proceedings.neurips.cc/paper/2017/hash/c54e7837e0cd0ced286cb5995327d1ab-Abstract.html> (besucht am 18. 08. 2025).
- [144] Vinod Nair und Geoffrey E Hinton. „Rectified linear units improve restricted boltzmann machines“. In: *Proceedings of the 27th international conference on machine learning (ICML-10)*. 2010, S. 807–814.
- [145] Mingxing Tan und Quoc Le. „Efficientnet: Rethinking model scaling for convolutional neural networks“. In: *International conference on machine learning*. PMLR, 2019, S. 6105–6114. URL: <https://proceedings.mlr.press/v97/tan19a.html?ref=ji> (besucht am 12. 08. 2025).
- [146] Mark Sandler et al. „Mobilenetv2: Inverted residuals and linear bottlenecks“. In: *Proceedings of the IEEE conference on computer vision and pattern recognition*. 2018, S. 4510–4520. URL: http://openaccess.thecvf.com/content_cvpr_2018/html/Sandler_MobileNetV2_Inverted_Residuals_CVPR_2018_paper.html (besucht am 18. 08. 2025).
- [147] Suyog Gupta und Mingxing Tan. „EfficientNet-EdgeTPU: Creating accelerator-optimized neural networks with AutoML“. In: *Google AI Blog* 2.1 (2019).
- [148] Zhuang Liu et al. „A convnet for the 2020s“. In: *Proceedings of the IEEE/CVF conference on computer vision and pattern recognition*. 2022, S. 11976–11986. URL: http://openaccess.thecvf.com/content/CVPR2022/html/Liu_A_ConvNet_for_the_2020s_CVPR_2022_paper.html (besucht am 11. 08. 2025).
- [149] Dan Hendrycks und Kevin Gimpel. „Gaussian error linear units (gelus)“. In: *arXiv preprint arXiv:1606.08415* (2016).
- [150] Ze Liu et al. „Swin transformer v2: Scaling up capacity and resolution“. In: *Proceedings of the IEEE/CVF conference on computer vision and pattern recognition*. 2022, S. 12009–12019. URL: http://openaccess.thecvf.com/content/CVPR2022/html/Liu_Swin_Transformer_V2_Scaling_Up_Capacity_and_Resolution_CVPR_2022_paper.html (besucht am 11. 08. 2025).
- [151] John Bridle. „Training stochastic model recognition algorithms as networks can lead to maximum mutual information estimation of parameters“. In: *Advances in neural information processing systems* 2 (1989). URL: <https://proceedings.neurips.cc/paper/1989/hash/0336dcbab05b9d5ad24f4333c7658a0e-Abstract.html> (besucht am 19. 08. 2025).
- [152] Diederik Kinga, Jimmy Ba Adam et al. „A method for stochastic optimization“. In: *International conference on learning representations (ICLR)*. Bd. 5. 6. California; 2015.

Erklärung

Ich versichere, dass ich diese Arbeit selbstständig verfasst habe und keine anderen als die angegebenen Quellen und Hilfsmittel benutzt habe.

Karlsruhe, den 15. Oktober 2025

.....