



Bioinformatische Doktorarbeit (Dr. med.) in der Anatomie (LSI) / Zum Thema

Deep Learning in der digitalen Anatomie/ Mitosen- Erkennung

Digitale Histologie und Histopathologie beschreibt den Prozess der Digitalisierung von Gewebeschnitten mittels sog. (Whole Slide) Scanner. Dadurch werden die nun digitalen Gewebeschnitte, auch Whole Slide Images genannt, automatisierten digitalen Auswertungstechniken zugänglich. Dabei sind Algorithmen basierte Vorgehensweisen von Nöten, über die in den Geweben eine Reihe von Aufgaben erfüllt werden müssen.

Eine der Aufgaben besteht in der Klassifikation der Gewebeschnitte zu einem bestimmten Typ. Eine weitere Aufgabe ist die Detektion und Lokalisation von Objekten, z.B. Lymphozyten, Mitosen oder anderen spezifischen Zellen in diesen Gewebeschnitten.

Darüber hinaus stellt die Segmentation (d.h. Abgrenzung), beispielsweise von Epithelien gegenüber Bindegewebe, eine weitere Herausforderung an die automatisierte Erkennung.

All diese automatisierten Erkennungsmechanismen werden in der Zukunft zunehmend die Arbeit und den Umgang mit medizinischen Bilddaten erleichtern, da Sie zu einer Reduzierung des Arbeitsaufwandes beitragen. Auf all diesen Feldern sind in den letzten Jahren mit dem Aufkommen von Deep-Learning Techniken außerdem signifikante Fortschritte erzielt worden. Das Aufgreifen dieser Entwicklung und Einbinden in Software –Applikationen, die direkt nutzbar werden, soll hierbei Forschung und praktische Anwendung direkt miteinander verbinden.

Fragestellung:

Lässt sich die Treffsicherheit der automatisierten Erkennung von Mitosen in digitalisierten histopathologischen Gewebeschnitten verbessern?

Kontext:

Die Doktorarbeit ist Teil eines größeren Projektes in dem, wie im Hintergrund beschrieben, verschiedene Aspekte der digitalen Pathologie in verschiedenen Doktorarbeiten bearbeitet werden sollen. Es existieren alle Gewebeschnitte bereits als digitale Datensätze und können direkt bearbeitet werden.

Methoden:

Komplexe Bild-Datenanalyse hauptsächlich mittels Deep-Learning-Verfahren (vor allem in Python mittels Keras, sowie Tensorflow).

Entsprechendes Knowhow besteht innerhalb der Arbeitsgruppe und wird mit Freude vermittelt.

Anforderungen:

- IT-, Mathematik- und Computerprogrammieraffinität.
- Programmierkenntnisse (v.a. Python) von Vorteil, aber nicht zwingend Voraussetzung!
- Erfahrung mit Deep-Learning Frameworks (hier v.a. Tensorflow und Keras) wünschenswert, aber ebenso nicht zwingend Voraussetzung!



- Fähigkeit und Wille, sich in komplexe Themen einzuarbeiten.

Chancen:

- Buzzworte wie Neuronale Netze und Deep Learning hautnah zu erfahren und mitzugestalten
- Erlernen des Umgangs mit komplexen histo-pathologischen Bilddaten
- Erlernen von Computerprogrammierfähigkeiten und das Arbeiten mit Deep-Learning Frameworks (Python/ Tensorflow/ Keras)
- Die Erstellung einer anwendbaren Software-Applikation ist ebenso wie eine Publikation der Ergebnisse geplant

Für ein Freisemesters kann ein Stipendium beim IZKF Erlangen beantragt werden

(<http://www.izkf.uk-erlangen.de/nachwuchsfoerderung/medizindoktorandenprogramm/>) .

Kontakt:

Ihre Aussagekräftige Bewerbung inkl. Motivationsschreiben und Lebenslauf mit Erwähnung relevanter Vorkenntnisse senden Sie bitte an:

samir.jabari@fau.de