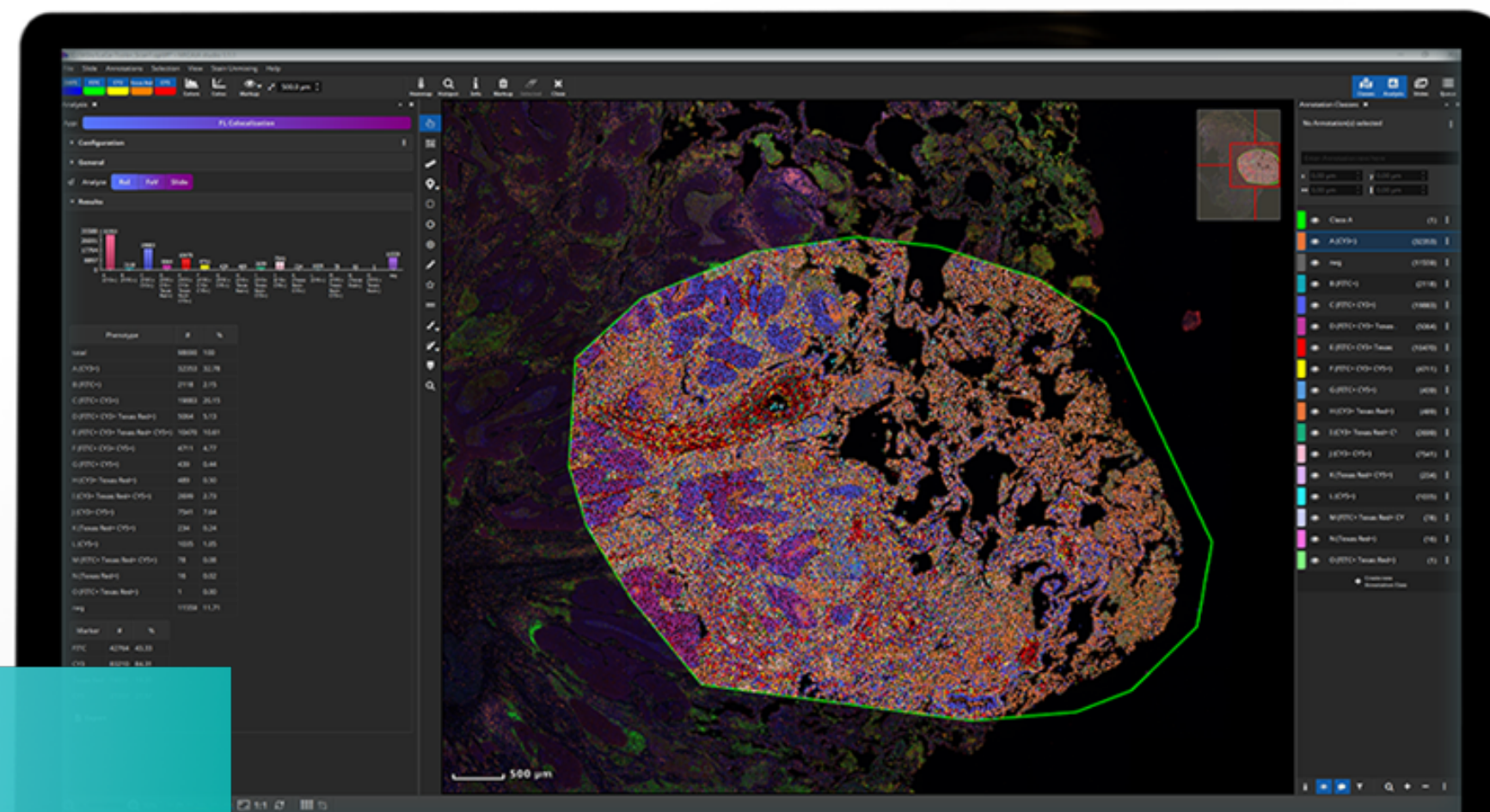


生物医学研究者的 全幅切片图像分析



在您的组织病理学研究中使用数字图像分析的7大理由



在手动操作中进行量化分析是根本不可能实现的。

例如:计数所有细胞、有关细胞间连接的统计数据、精确测量、组织成分以及从标准染色预测突变。



分析更多数据以获得更高的统计显著性。

评估更大的感兴趣区域(ROIs)、整个全幅切片图像(WSIs)或包含数百个WSIs的整个数据集。



快速分析切片: 相同的时间, 处理更多数据。

您的研究时间有限。高效使用时间, 不要浪费在手动评估上。分析整个数据集仅需几个小时而不是几天。



更快地分析切片: 在更短的时间内处理相同的数据。成为第一个发布您的发现。时光飞逝, 别让他人抢占先机。



通过最新的数字技术和人工智能, 增加您论文被采纳的机会。

当手动评分时, 审稿人会产生质疑, 询问为什么没有使用数字图像分析。



消除偏见、观察者之间和观察者内部的差异。

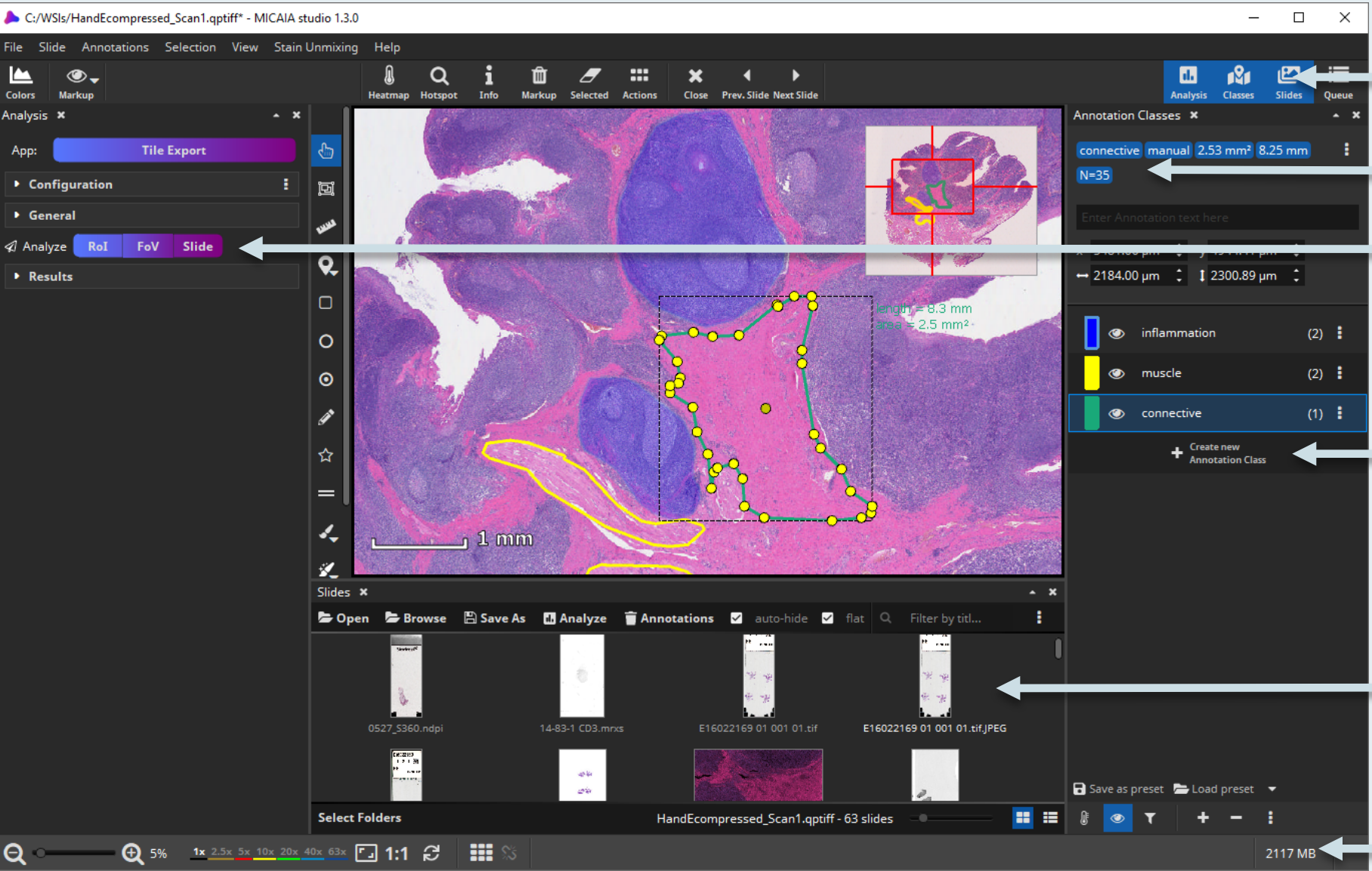
无论时间和压力如何影响, 数字分析的结果都将会是一致的。它不会在一次较大的分析过程中潜意识地改变其评估标准。



不要在繁琐的任务上浪费您的才能和智慧。

让电脑收集原始数据, 您来得出结论同时专注于更复杂的案例。

米康雅® (MIKAIA®) 概述



工具栏

选定注释

图像分析

注释类别

工作空间

状态栏



为学术界、生物技术与制药行业的专业人士设计。



轻量级且在本地Windows软件运行, 无需将全幅切片图像 (WSIs) 上传至云端。



为(批量)分析全幅切片图像而特别设计

解决的用例



注释与数据集的创建。



明场与免疫荧光的定量图像分析(功效研究、感兴趣区域 (ROIs) 的检测、热点分析以及细胞间的相互作用等)。



批量分析全面的数据集。



AI创作组织分割的功能



允许用户将自己的AI解决方案整合到应用程序API中(即将推出)*

*敬请期待

米康雅® (MIKAIA®) 在您的工作流程中



米康雅® (MIKAIA®) 体验版

可在www.mikaia.ai免费下载

- 与OuPath及Leica往返注释I/O, 从3DHistech导入。安全注释包括撤销/重做、自动保存和类别预设等。
- 将分散的注释储存在同级文件中。在任何时候都可以安全地重新定位您的全幅切片图像 (WSIs)。
- 将任何输入的WSIs格式转换和裁剪为SVS或DeepZoom格式。
- 免费应用程序包括: 组织检测、图块导出、注释到图像 (在1.2版本中引入: 分割掩膜生成)。
- 实时染色去混、密度热图和热点搜索。

米康雅® (MIKAIA®) 工作室

- 提供额外图像分析应用程序。
- 即将推出: 专为集成您自己的AI解决方案而设计的应用程序REST API。
- 允许批量处理整个数据集, 并生成在一个位置编译所有结果的综合CSV文件。
- 提供合理的售价
- 总代理商:

[百诺斯塔科技](http://www.benestartech.com)

www.benestartech.com/mikaia

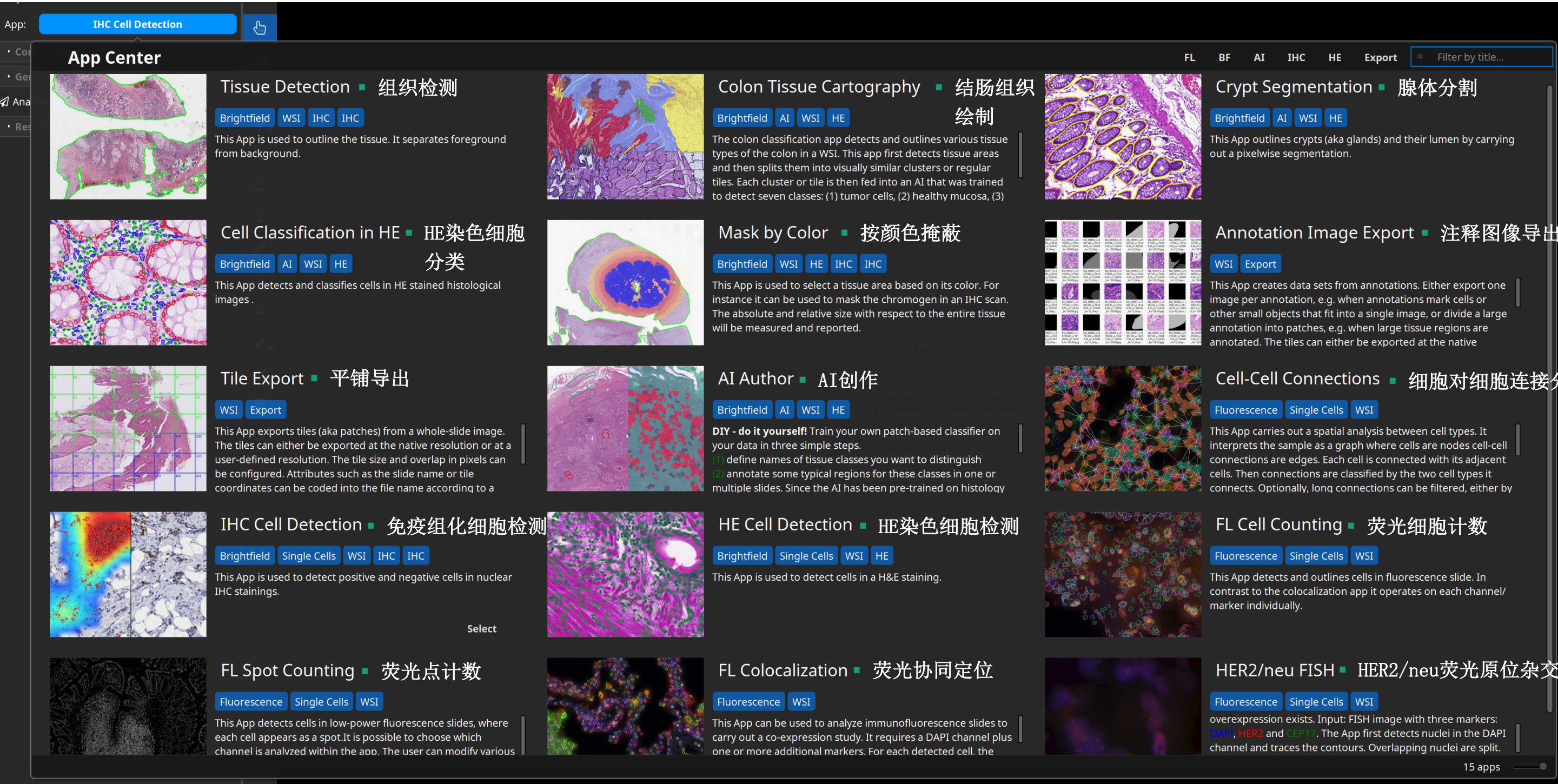
应用中心

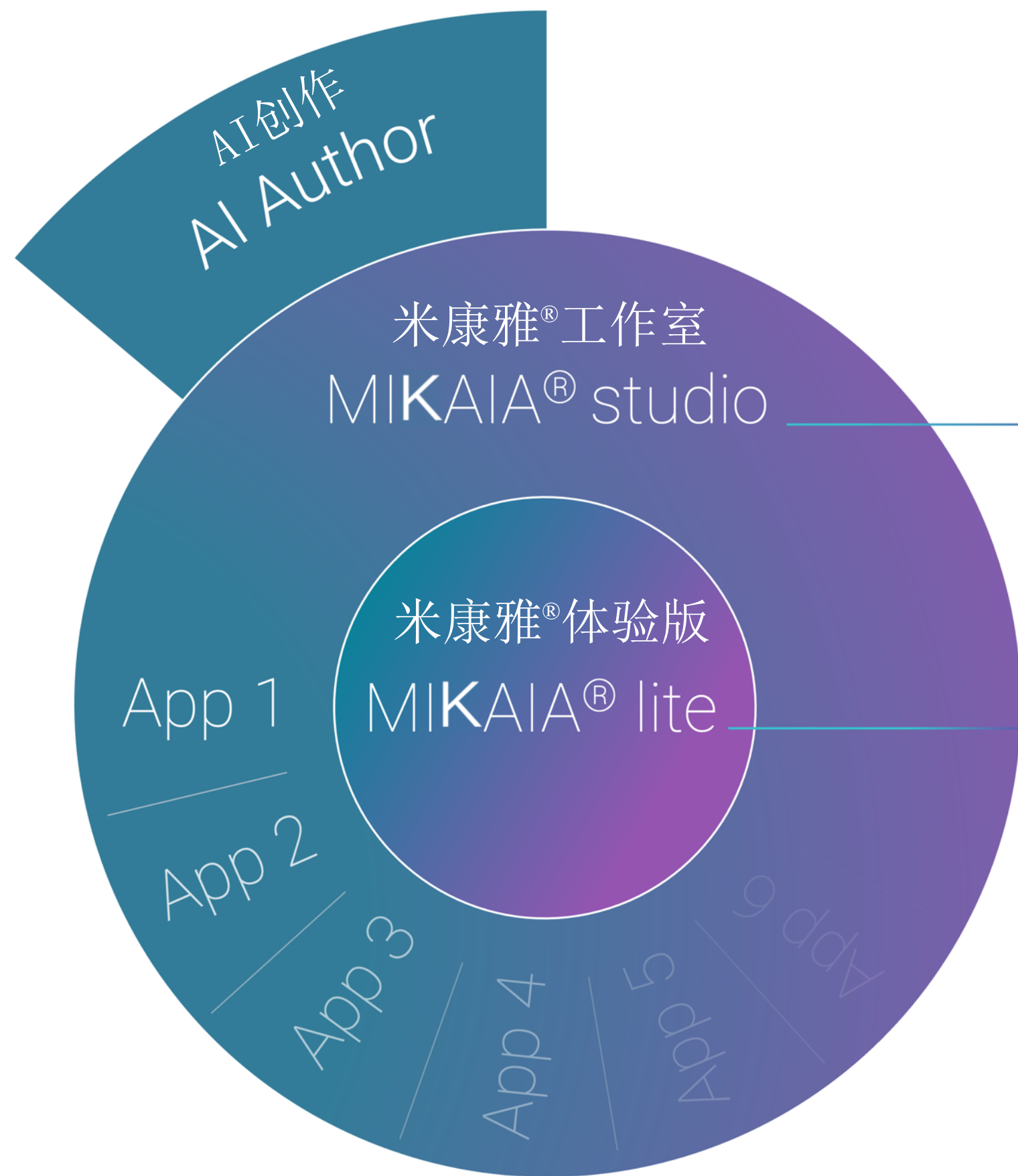
- 各种特定用例的分析应用尽在应用中心, 可立即使用。
- 应用可以通过H&E、IHC、FL的标签或全文搜索进行筛选。
- 我们将陆续添加更多应用程序。



每个应用都会向WSIs添加注释。
这些可作为下个应用的输入。

- 可扩展性
- 通过AI创作, 用户可以轻松添加更多应用程序。无需技术或人工智能知识。
- 数据科学家可以使用REST API接入他们自己的AI。例如, 它可以是位于同一部计算机上、在docker中或在网络计算机上的Python脚本。





强大的明场和荧光观察器
支持大多数扫描格式
导入/导出注释
导出/裁剪任意图像至SVS/DeepZoom
组织检测应用
平铺导出应用
注释图像导出应用

IHC细胞检测应用
HE细胞检测应用
按颜色掩蔽应用
荧光协同定位应用
HER2/neu乳腺癌荧光原位杂交应用
荧光点计数应用
细胞对细胞连接分析应用
注释指标应用
空间聚类应用
荧光标记相关模块
添加您的AI (REST API) 等



我向任何希望加强其研究的人员推荐米康雅®(MIKAIA®)。我和我的博士学生们通过它来分析各种IHC与HE数据集，并为我们的出版物提取定量数据。米康雅®(MIKAIA®)完美的介于易用性与灵活性之间。

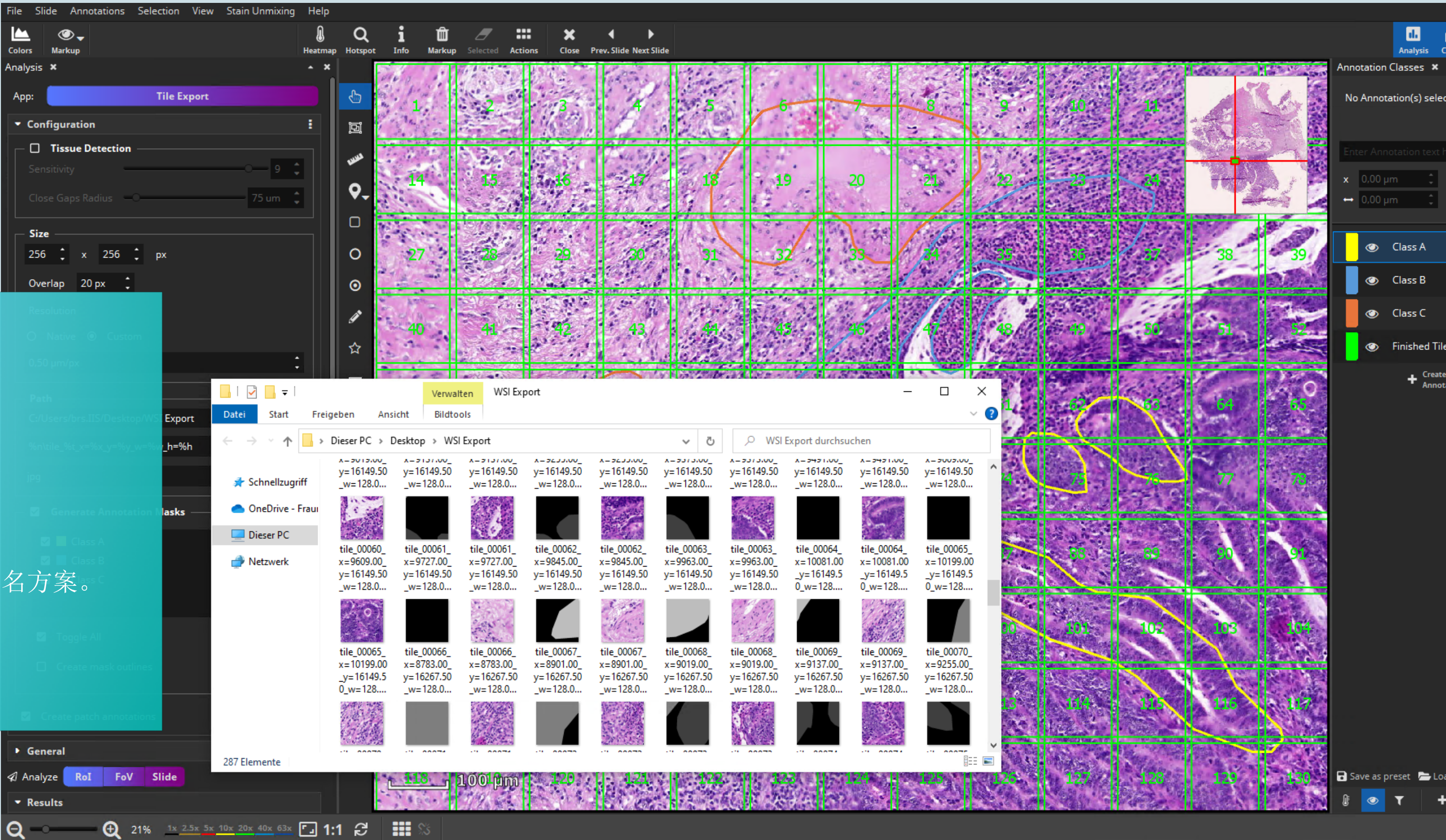
PD Dr. med. Carol-Immanuel Geppert MIAC, Senior Pathologist
Head of Cytology & Digital Pathology
University Hospital Erlangen-Nuremberg, Bavaria, Germany

医学博士Carol-Immanuel Geppert MIAC, 高级病理学家
细胞学与数字病理学负责人
德国巴伐利亚州埃朗根-纽伦堡大学医院

别在每个Histo AI开发的第一步上浪费时间:使用米康雅® (MIKAIA®) 为AI训练创建数据集

数据集创建工作流

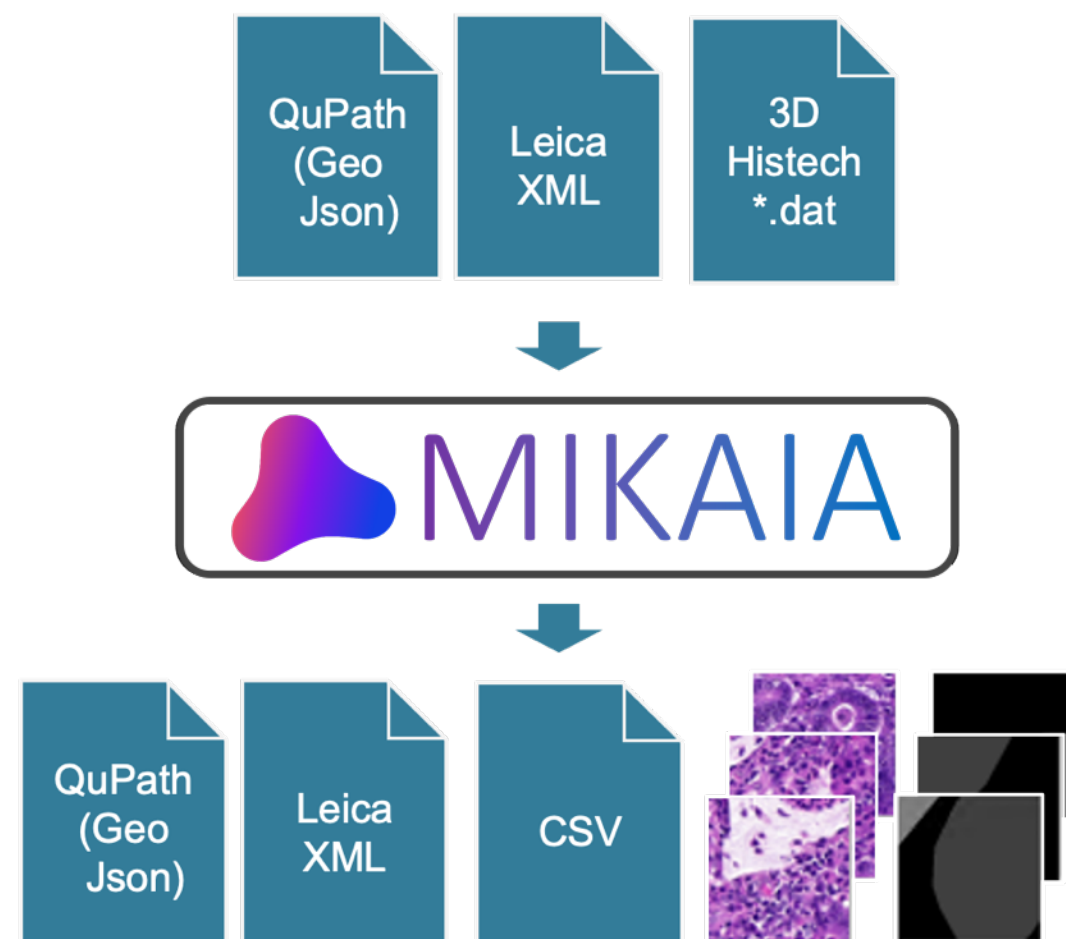
- 1. 创建类别A、B、C(可从模板创建选择)。
- 2. 手动注释或通过其中一个分析应用。
- 3. 在应用中心选择平铺/图块导出应用。
- 4. 设置所需的平铺/图块大小(px)、重叠、分辨率(μm/px)与命名方案。
- 5. 应用程序将导出平铺/图块与掩膜分割至硬盘。
- 6. 在米康雅® (MIKAIA®) 之外训练AI。



创建数据集

正确的注释工具可以节省大量时间。
而错误的工具则会耗时很久。

在注释工具方面我们拥有最高标准。
与此同时, 我们使用米康雅® (MIKAIA®) 来注释我们的AI模型
以训练数据。



自动保存

每隔几分钟, 注释文件会自动在后台保存。

如同您在Microsoft Office应用程序中: 假设软件或电脑意外关闭, 文件恢复将在下次启动时被检测到。

撤销/重做支持

您可以撤销和重做注释的创建/删除。当绘制一个大的多边形时, 您可以通过点击鼠标右键回放最后一段, 从而从那里继续绘制。

人机注释

使用画笔工具绘制时, 您可以间歇性地释放鼠标按钮以休息您的手指。如果您更喜欢通过点击每个段点进行绘制, 也未尝不可。

导航绘制

有时需要以最高分辨率进行注释。您的注释可能很快就会到达当前视野的边缘。您可以使用鼠标或键盘箭头轻松导航, 从而不会中断注释。

触摸支持

您可以使用触控笔在触摸屏上绘制(如一台WACOM平板)。

创建类预设

通常您会注释多个全幅切片图像 (WSIs) 以及涉及到多个注释。

您经常会得到不同的注释类名, 如Tumor, “tumor”, “tumour”, “tumor...”, 同时它们有时候会是红色、绿色或者蓝色。在米康雅® (MIKAIA®) 中, 您可以简单地创建一个注释类列表, 配置每个类别的外观, 然后将其保存为预设。

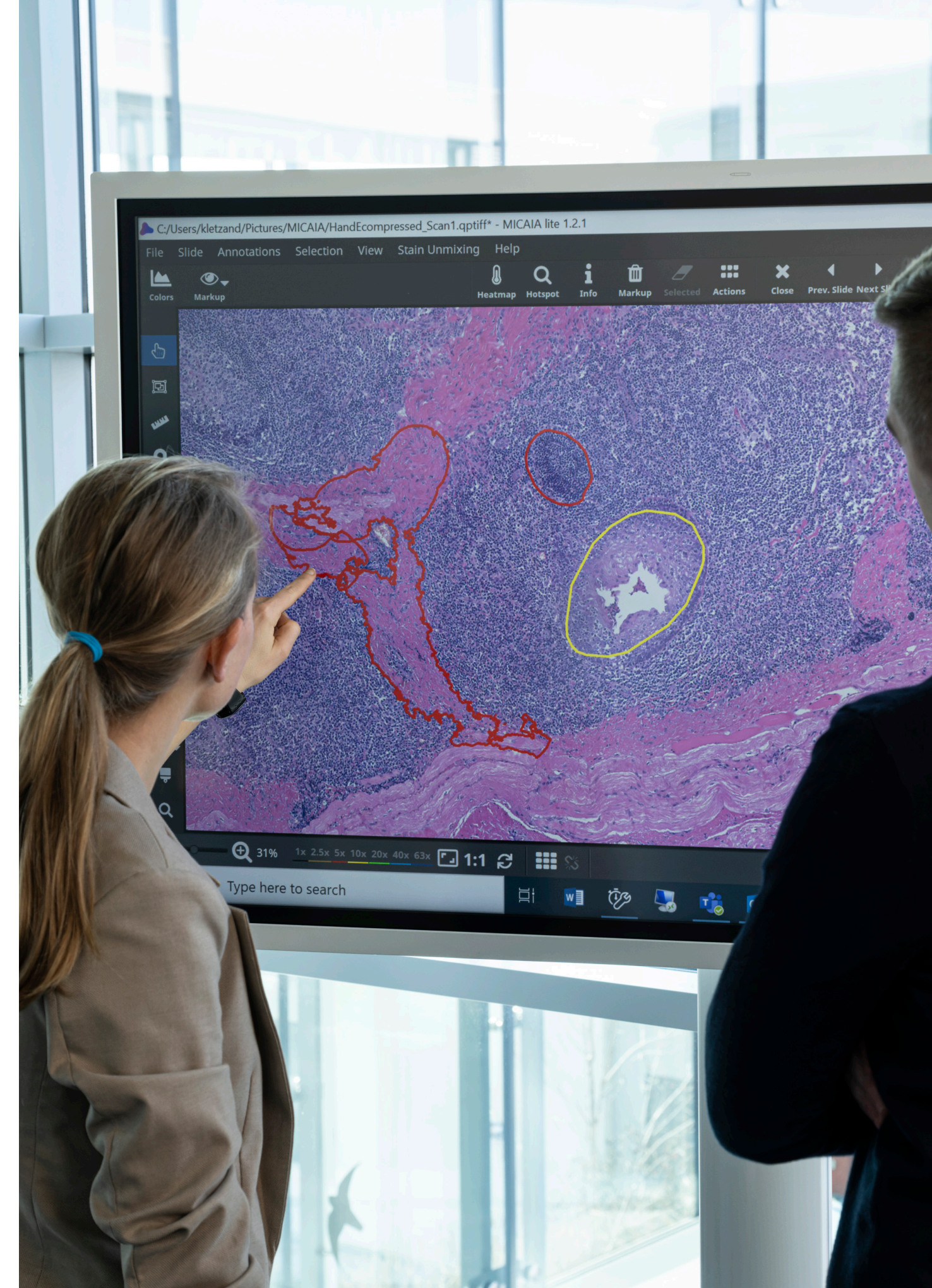
智能注释

魔术刷与魔术橡皮擦支持图像内容感知的注释。圆形将剪切到图像内容。您可以配置半径和颜色兼容。魔术刷与合成视图结合的很好, 例如, 您可以注释光学密度显色或者未混合DAB组件的H-DAB染色。

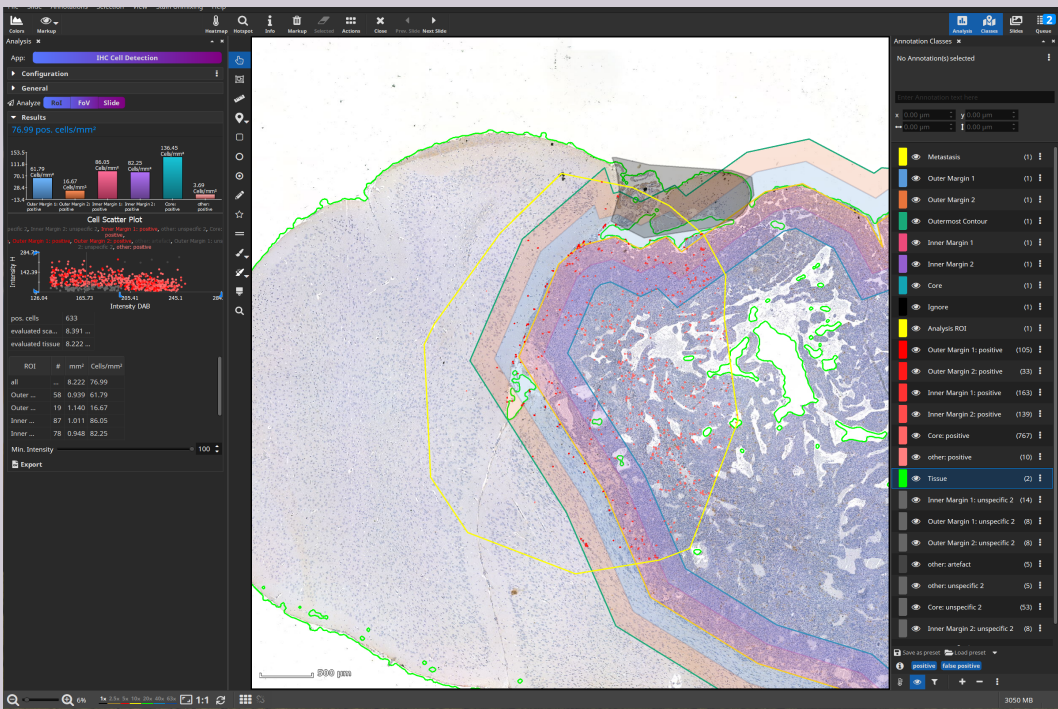
创建细胞数据集

类标签工具非常适合创建细胞分类数据集。

1. 使用画笔工具、魔术刷或HE细胞检测应用程序勾勒细胞。
2. 只需使用类别切换工具, 选择当前类即可将未标记的细胞分配给当前类别。



免疫组化(IHC)细胞计数应用



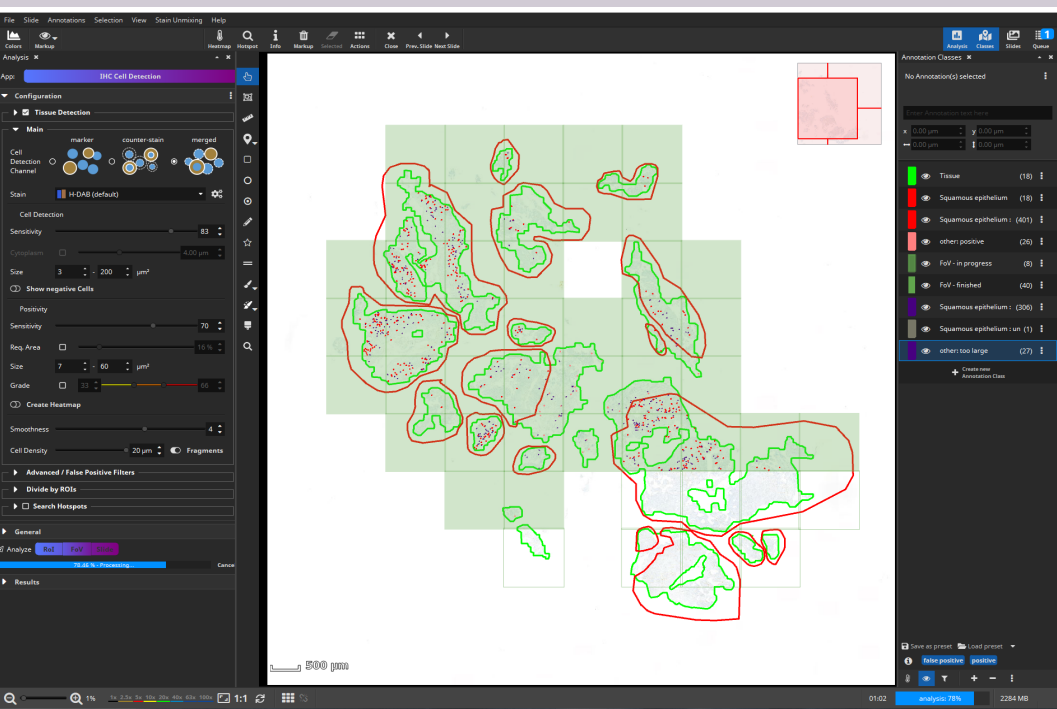
CD3+T细胞在转移中的分析

目标:测量转移内外及入侵性边缘附近的T细胞密度。

1. 通过手动注释转移(或通过颜色遮罩/掩膜应用程序)。
2. 使用“添加边缘”功能在内外部各添加两个同心边缘，各直径为100微米，以覆盖肿瘤微环境。在黄色区域中绘制要分析的ROIs，可选地标记要忽略的区域(此处黑色的为“忽略”类别)。此区域中选取的细胞将被丢弃。
3. 开始免疫组化(IHC)分析以及选择阳性细胞(此处为CD3)应按ROIs分组, 选择4个边缘和转移核心。其余区域将被隐藏为“其他”。

在类别侧边栏中，可以看到阳性细胞是如何被划分为带有红色阴影的6个不同类别。

条形图显示每个ROIs的细胞密度/mm²。散点图中的每个点代表一个细胞。点击一个点将把查看器定位到细胞上。还可以绘制H-以及DAB强度与大小。

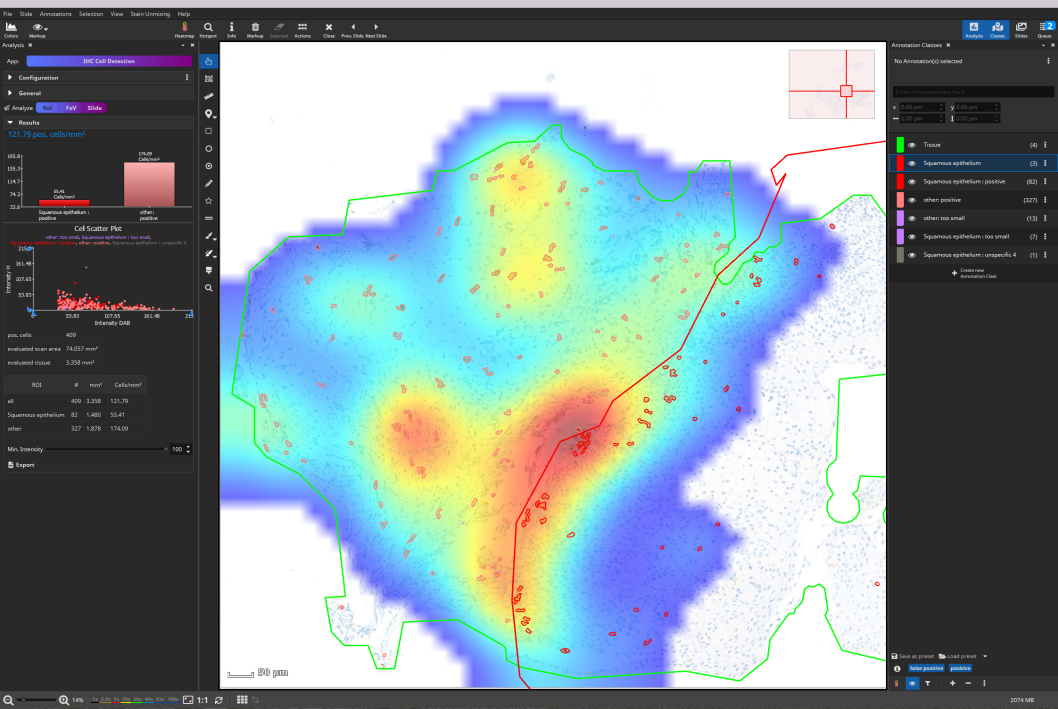


CD117+肥大细胞分析

目标:测量鳞状上皮内外的肥大细胞密度。

1. 在整个数据集上批量运行组织检测应用以检测组织(绿色)。如有必要，可手动纠正。
2. 手动勾勒所有切片中的鳞状上皮(红色)。由于它们在分析期间会自动与绿色组织轮廓相交，因此可以随意勾画轮廓。
3. 在整个数据集上批量运行IHC分析应用，并配置阳性细胞(此处为肥大细胞)应按ROIs分组，仅选择“鳞状上皮”类。

以上的截屏是在分析过程中截取的。绿色填充图块已被分析，而绿色未填充图块当前正在同步处理中。检测到的阳性细胞绘制为红色，取决于它们所属的ROIs。



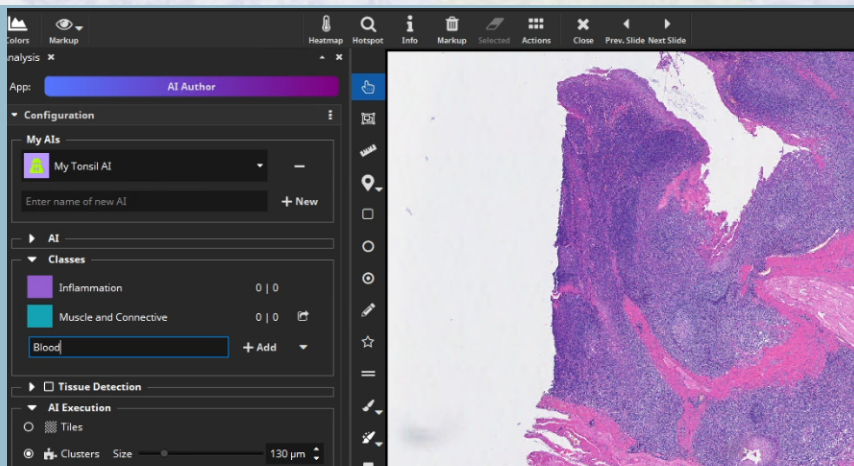
放大查看带有CD117肥大细胞染色的切片

检测到的细胞用红色绘制。

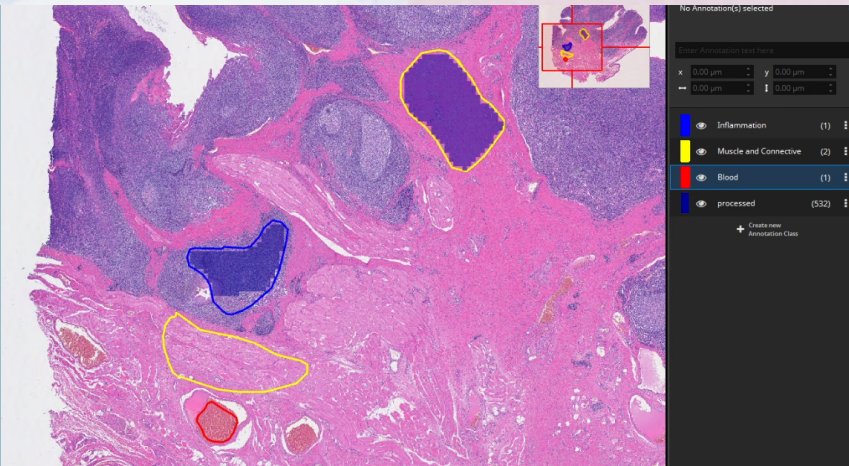
密度热图可视化已激活，并显示了相对较大的肥大细胞密度簇。

AI创作 workflow

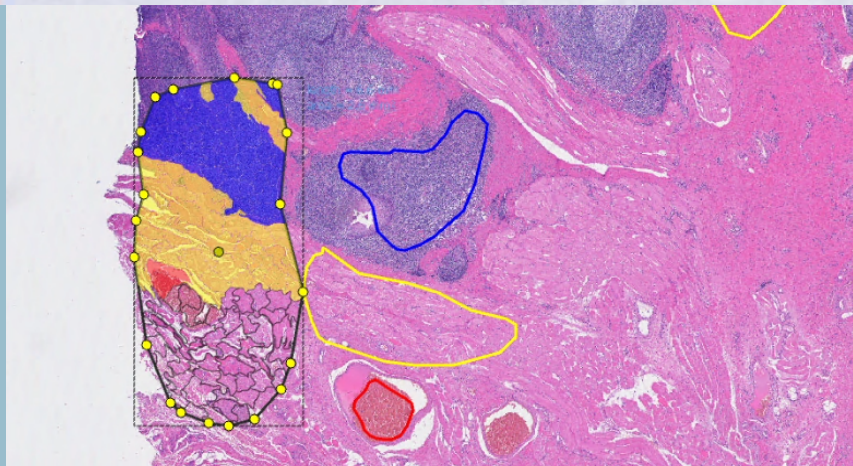
通过设计，研究人员有他们想要回答的独特问题。



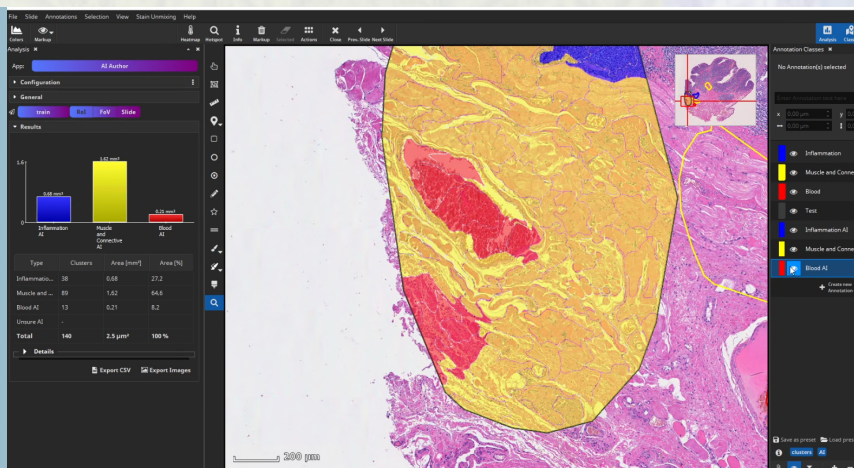
1
选择“AI创作”应用，
创建新的AI并配置类
别(这有3个)



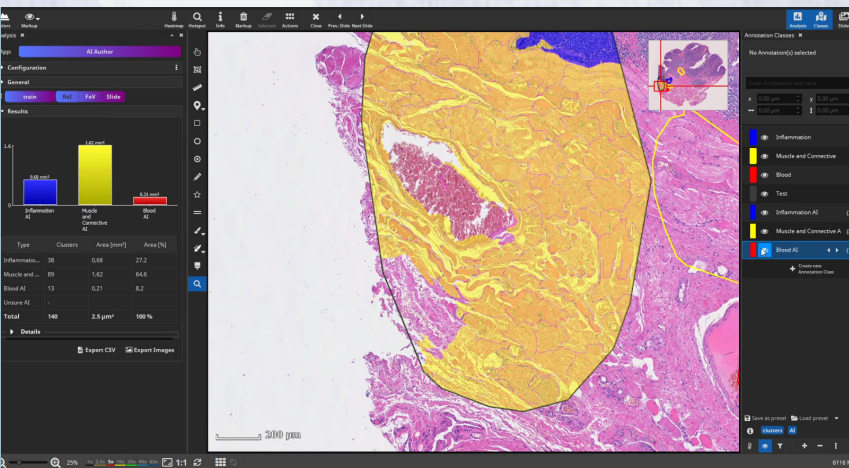
2
为每个类别勾画出示例
区域并在其上面训练AI。
AI将逐块(蓝色方块)
分析它们。



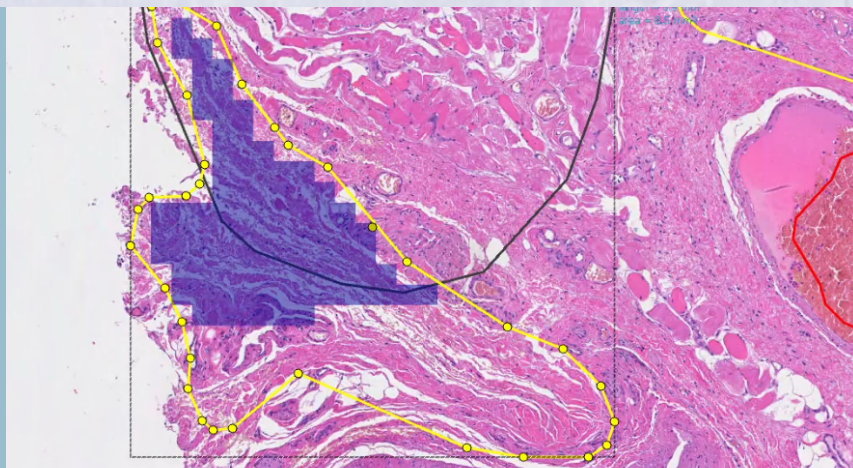
3
在ROIs(黑色)上测试
AI。ROIs可以逐块或
选择性地逐簇分析。



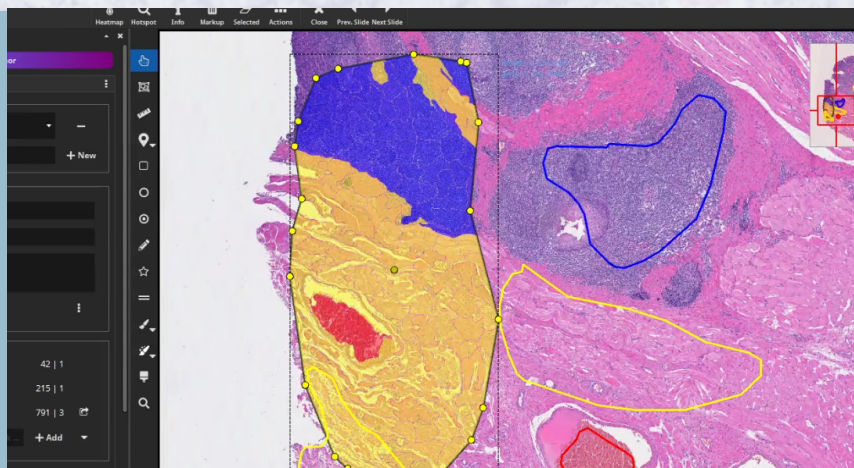
4
检查结果质量。这里
有一个区域被分类为
红色类别，但应该是
黄色的。



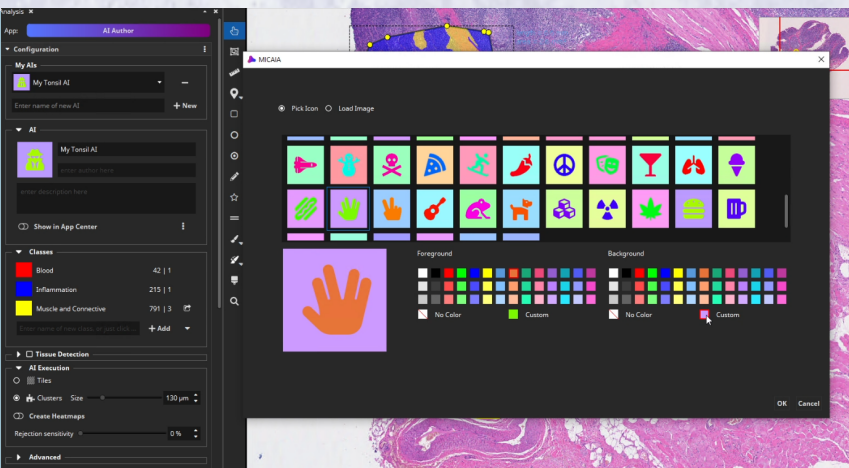
5
错误看起来是合理的。
来自错误分类的红色区
域的纹理与真正的红色
区域相似。



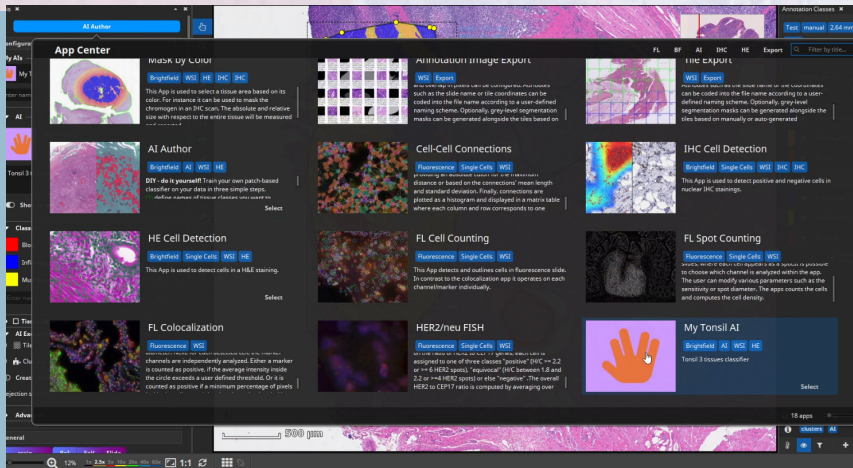
6
添加新的训练注释，以教
导AI误分类区域内包含
的组织属于黄色类别。



7
重复分析测试ROIs。
现在结果看起来是正
确的。经过训练的AI
现已准备好可以使用了。



8
挑选一个图标，添加描
述文本并启用“在应用
中心显示”



9
经过训练的AI现在可以
作为米康雅®(MIKAI[®])
应用中心的一个新应用程
序。它也可以与其他米
康雅®(MIKAI[®])用户共享。

查看与分析免疫荧光扫描

蛋白组学

免疫荧光多重或高通量切片包含多个标记目标通道如DNA或蛋白质等。米康雅® (MIKAIA®) 完全支持可视化多重切片。

- ✓ 切换通道的开/关(开关、单独以及仅限其他)
- ✓ 配置可视化(水平、伽玛、增益与伪色)为每个通道单独配置
- ✓ 16位精度渲染
- ✓ 支持多种格式(OME-TIFF, Zeiss CZI, Hamamatsu NDPIS)

1. 快速见解:通道间相关性

相关性模块为每个通道显示一个交互式散点图，并按降序对它们进行排序(皮尔森相关系数)。整个切片扫描分析不超过5秒。

2. 细胞分析

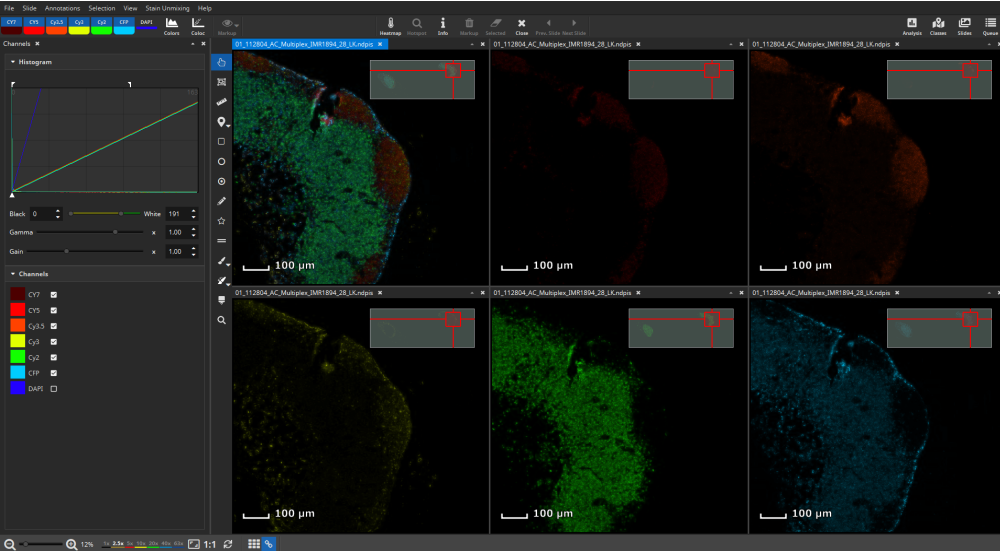
荧光共定位应用首先通过分析细胞标记通道在ROIs或Fov中检测并勾勒出所有细胞核(通常是DAPI)。然后，每个细胞核的注释会由用户定义的边界扩展包括细胞质。该应用将决定哪些标记在各细胞中被表达。至此，细胞表型派生被衍生出并在不同的注释类别中可视化。交互式密度热图可以选择启用，以显示某些细胞类型的热点。

3. 空间分析

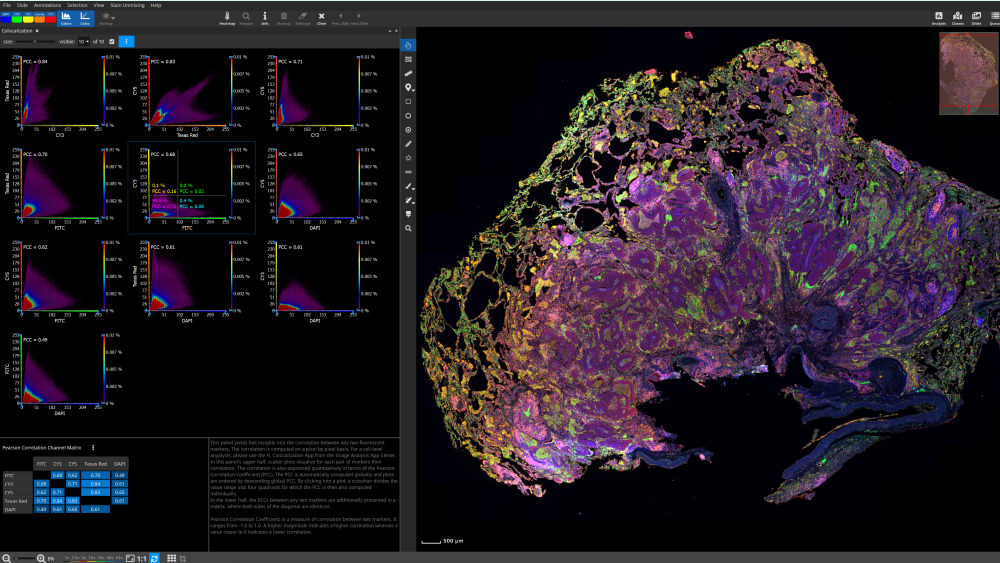
下一步，荧光细胞间连接应用在分类的细胞注释对象上运作，并连接每个细胞与其相邻的。从生成的图表得到各种各样的指标如：

- 旁观者分析:分析哪些细胞类型是相邻的。“平均来说，A类细胞有2.3个B类细胞邻居”
- 邻近性分析:计算细胞类型之间的平均距离。“平均来说，A类与B类细胞之间的距离是10.5 μm \pm 2.1”

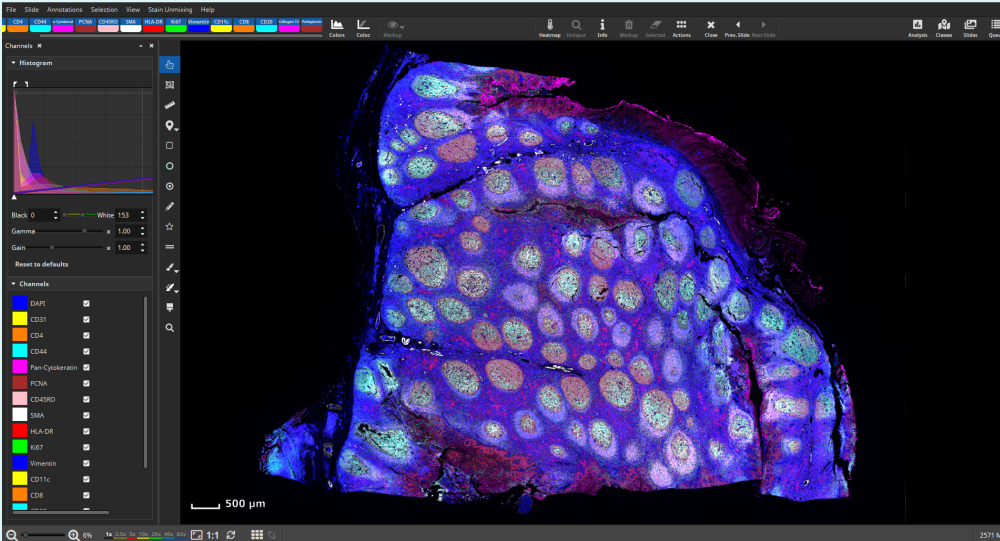
再次,可以启用密度热图并在细胞连接(细胞关系)上运作，以显示特定细胞类型相邻的热点。



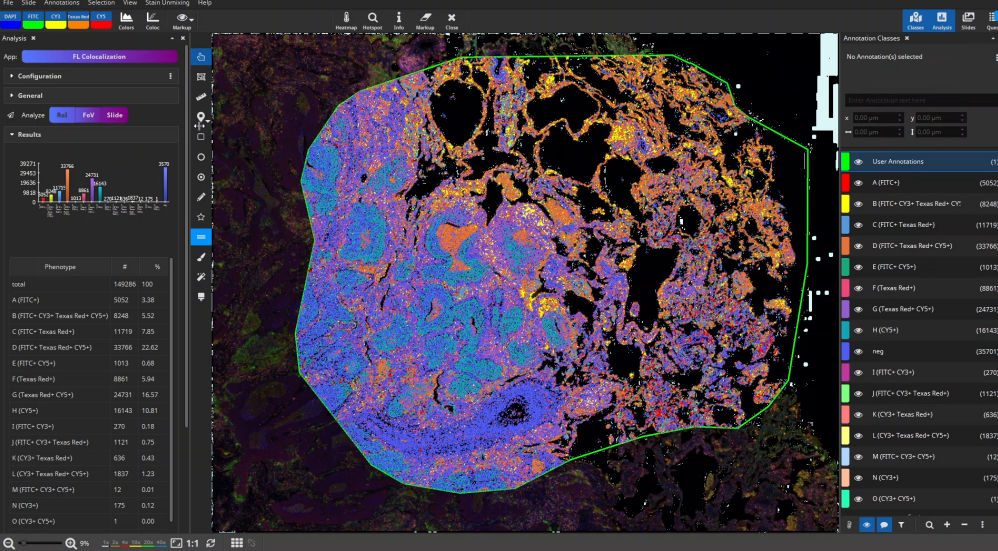
同步并排查看标记
鼠标指针为镜像的



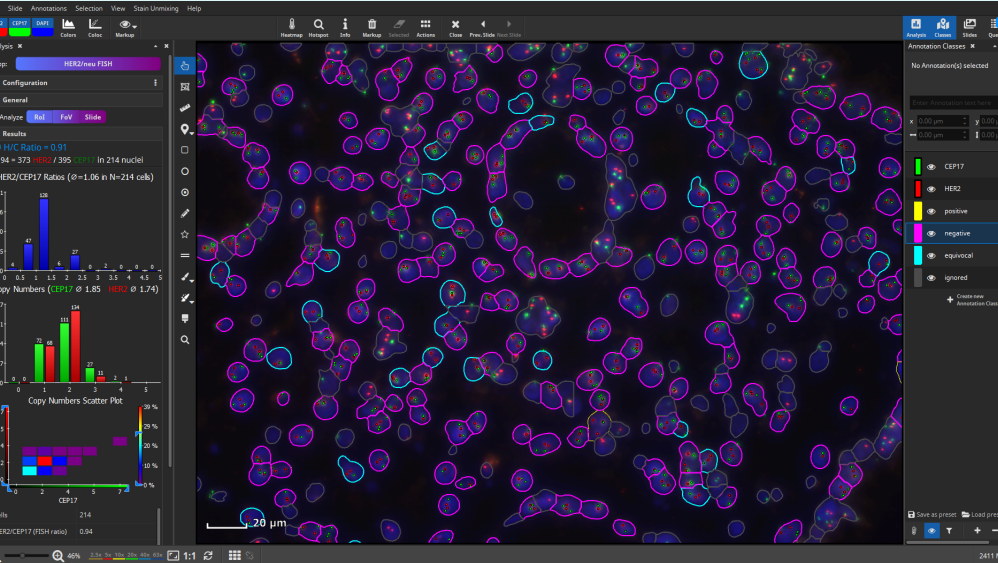
标记对的相关性分析(皮尔森相关性+散点图)



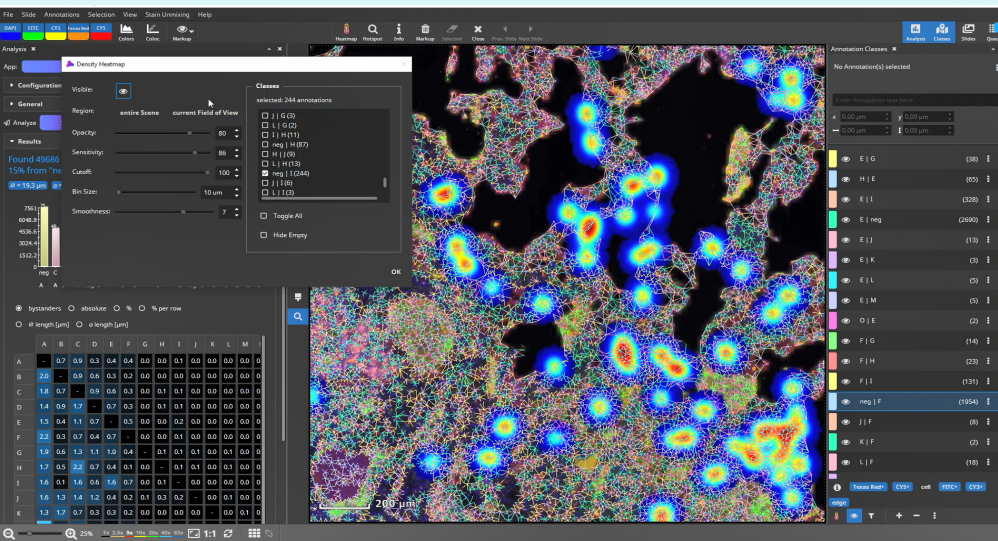
为高倍蛋白组学扫描提供良好支持
以上:由Akoya Biosciences提供的15倍扁桃体



通过荧光共定位应用进行单细胞标记表达

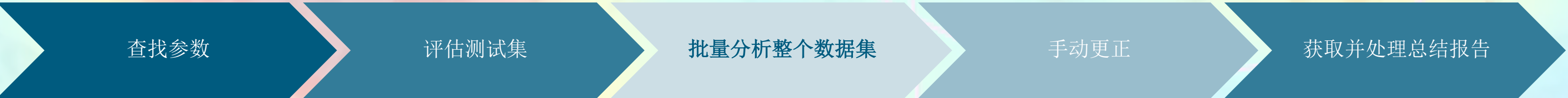


荧光原位(FISH) 点分析应用
这里是: HER2/neu



细胞-细胞连接应用程序将相邻细胞连接从而形成图表。

多个全幅切片图像 (WSIs) 的批量分析



1. 查找参数

通过应用设置与查找良好的参数，选择几个区域或WSIs从而进行实验。将参数保存为预设值，如“CD3 鼠肝”，以便在整个项目中轻松恢复参数。
2. 评估测试集

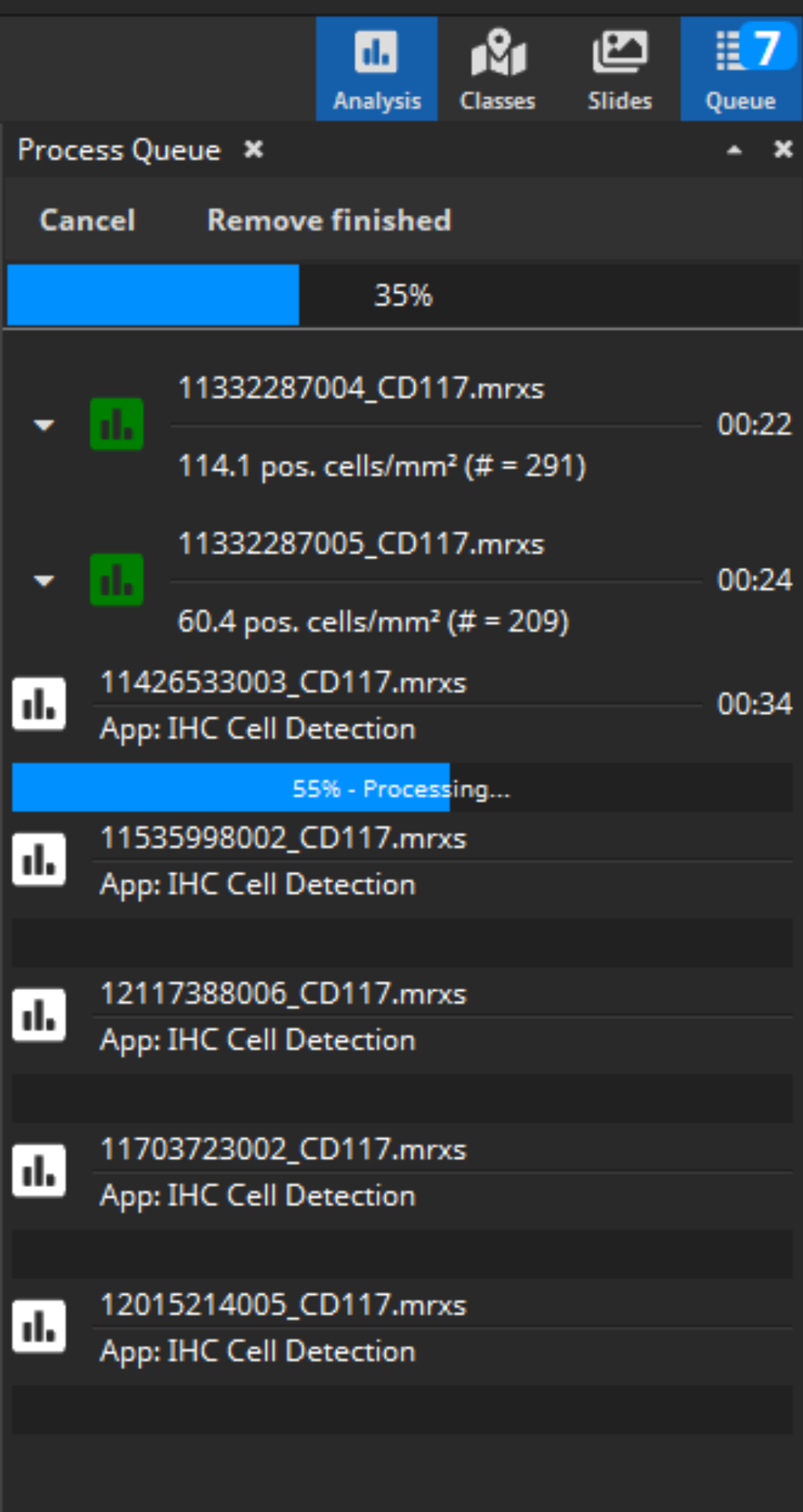
以定量或定性的方式评估小测试集的性能 (准确性以及时间) 是一种很好的做法。成功验证后，可以将分析从整个数据集中分离出来。
3. 批量分析整个数据集

通过将包含所有WSIs的文件夹加载到工作区与选择所有文件，然后点击“批量”分析按钮来进行大批量分析。每个WSIs (通过当前设置使用当前应用) 将被添加到工作队列中，并依次处理。一旦WSIs被处理，WSIs结果 (标记文件、CSV电子表格、带有和不带有标记的低分辨率预览图像) 将被写入结果文件夹。
4. 手动更正

当通过分析过的WSIs检查结果时，您可能会发现错误，例如本应该被捕获但被遗漏的细胞，或不应该计数的错误细胞注释。您可以通过删除错误注释或添加缺失注释来简单地更正错误。之后您将需要更新特定于应用程序中的结果CSV文件。只需在“不分析。加载注释”模式下重复批量处理，即可获取更新的结果文件集。
5. 获取并处理总结报告

随着WSIs的处理, 包含所有WSIs的全部结果的总结CSV文件会持续更新并储存在结果文件夹中。在批量处理完后, 该文件将包含所有定量数据。对于每个WSIs, 它包含不同实体的行。
 - 对每个细胞
 - 对每个ROIs、每个类别以及整个WSIs的总结换言之, 它既包含行数据 (如每个细胞的位置、大小及平均强度), 也包含了总结统计。仅通过显示特定类型的行与隐藏所有其他行, 就可以修改粒度。

文件可以通过Microsoft Excel被轻松打开, 同时其结构也可轻易地导入到其他的统计工具如R、Python或者Matlab。通过这种方式, 研究人员可以使用他们喜爱的工具将定量米康雅® (MIKAIA®) 输出与临床数据相关联, 或创建自定义图表。



评估 & 激活

评估



永久激活



评估

永久激活

临时许可证文件

与“节点锁定许可证的激活”相同, 除了米康雅®(MIKAIA)®只是临时解锁。

凭证代码

1. 登录 www.mikaia.ai 下载米康雅®(MIKAIA)®并安装。
2. 输入凭证代码。
3. 每执行一个应用程序对应消耗一个凭证(需连接互联网)

节点锁定单用户许可证

1. 登录 www.mikaia.ai 下载米康雅®(MIKAIA)®并安装。
2. 创建许可证申请文件。它包含计算机的独特指纹。
3. 接收激活文件并将其导入米康雅®(MIKAIA)®。米康雅®(MIKAIA)®现已解锁。

名称从米康雅®体验版(*MIKAIA*®lite)变更为米康雅®工作室(*MIKAIA*® studio)。

不固定或多用户许可证

服务器安装

1. 登录 www.mikaia.ai 下载米康雅®(MIKAIA)®并安装在服务器上(可以是虚拟机)。
2. 创建许可证申请文件。它包含服务器的独特指纹。
3. 接收激活文件并将其导入米康雅®(MIKAIA)®。
4. 打开CodeMeter(德国威步)控制中心, 打开WebAdmin, 启用“服务器”以使服务器能够被其他计算机发现。

客户端安装

将米康雅®(MIKAIA)®下载到任何客户端计算机并安装。

如果客户端和服务器处于同一局域网(LAN)中, 那么客户端将自动检测服务器并且米康雅®(MIKAIA)®将会自动解锁。

如果客户端通过VPN连接(如居家办公), 首先在CodeMeter的WebAdmin打开并添加服务器名称或IP到服务器搜索列表。

如果服务器许可证允许10个并列用户, 前10个用户可以在他们的计算机上启动米康雅®工作室(*MIKAIA*® studio) 。第11个用户将会收到通知, 说明所有名额都在使用中。

硬件要求

米康雅® (MIKAIA®) 是一款在您计算机上本地运行的Windows软件。



保持数据安全——在您的手中！

将AI带给数据, 而非将数据带给AI。

全幅切片图像 (WSIs) 通常大于1GB, 将这些数据上传到云端可能需要很长时间, 并且要求大量昂贵的云储存空间。

不如在本地分析您的数据, 并直接从您的网络或本地文件夹中加载WSIs到米康雅® (MIKAIA®)。

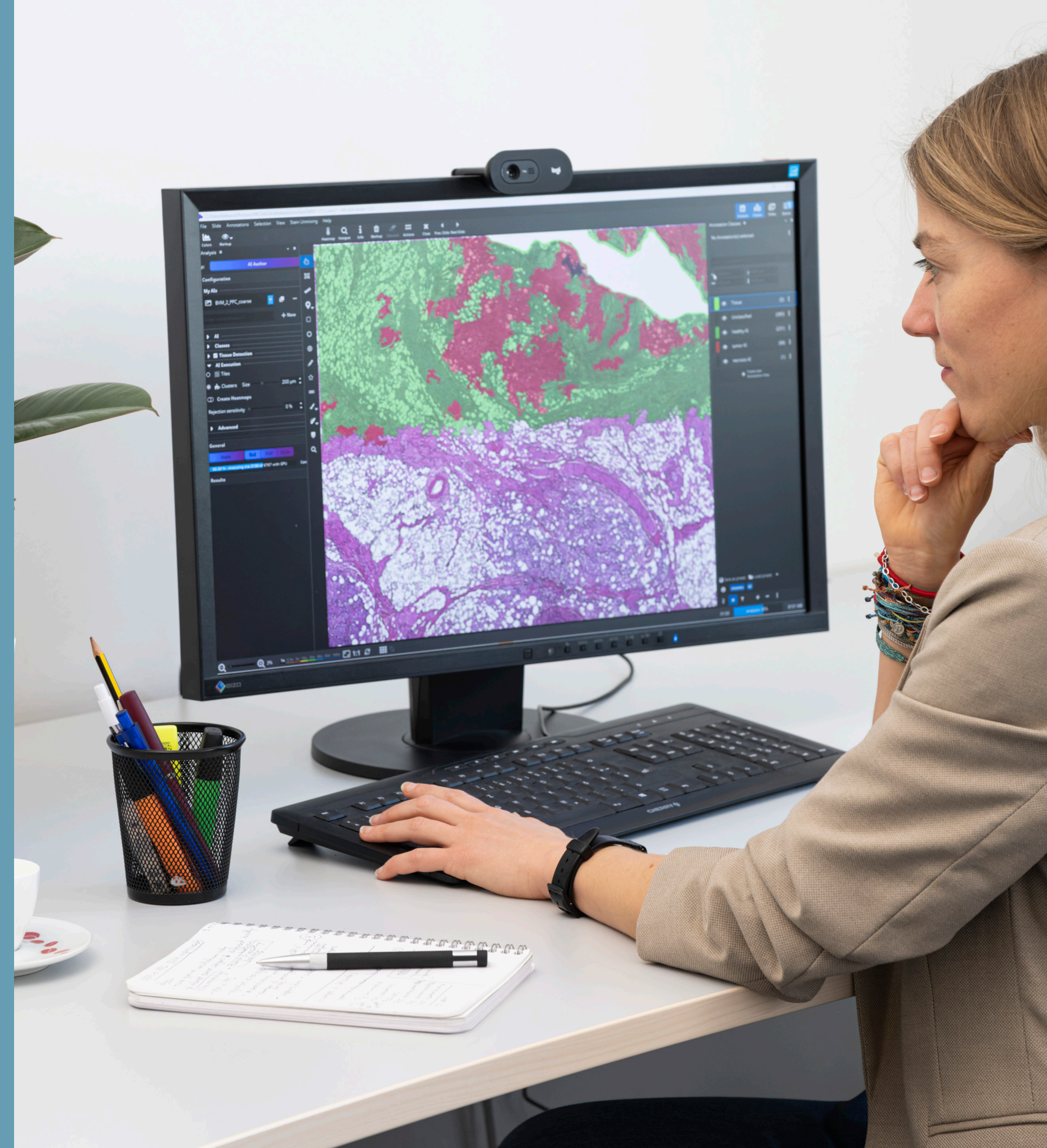


简易安装——不到一分钟即可开始

您可以直接从www.mikaia.ai下载米康雅® (MIKAIA®)。

立即开始使用吧! 无需等待技术人员到现场设置服务器, 因为这可能会涉及到您的IT部门。
米康雅® (MIKAIA®) 提供:

- 常规安装程序
- 便携式版本 (压缩文件, 无需管理员权限)





免费下载米康雅® (MIKAIA®) 体验版

www.mikaia.ai



总代理商:

www.benestartech.com/mikaia



咨询, 讨论您的项目, 报价等

contact@benestartech.com



[Fraunhofer IIS at LinkedIn](#)



[MIKAIA® YouTube Playlist](#)

Impress: MIKAIA® may be used for research purposes only!

Image material and graphics protected by copyright, © Fraunhofer IIS, 2023