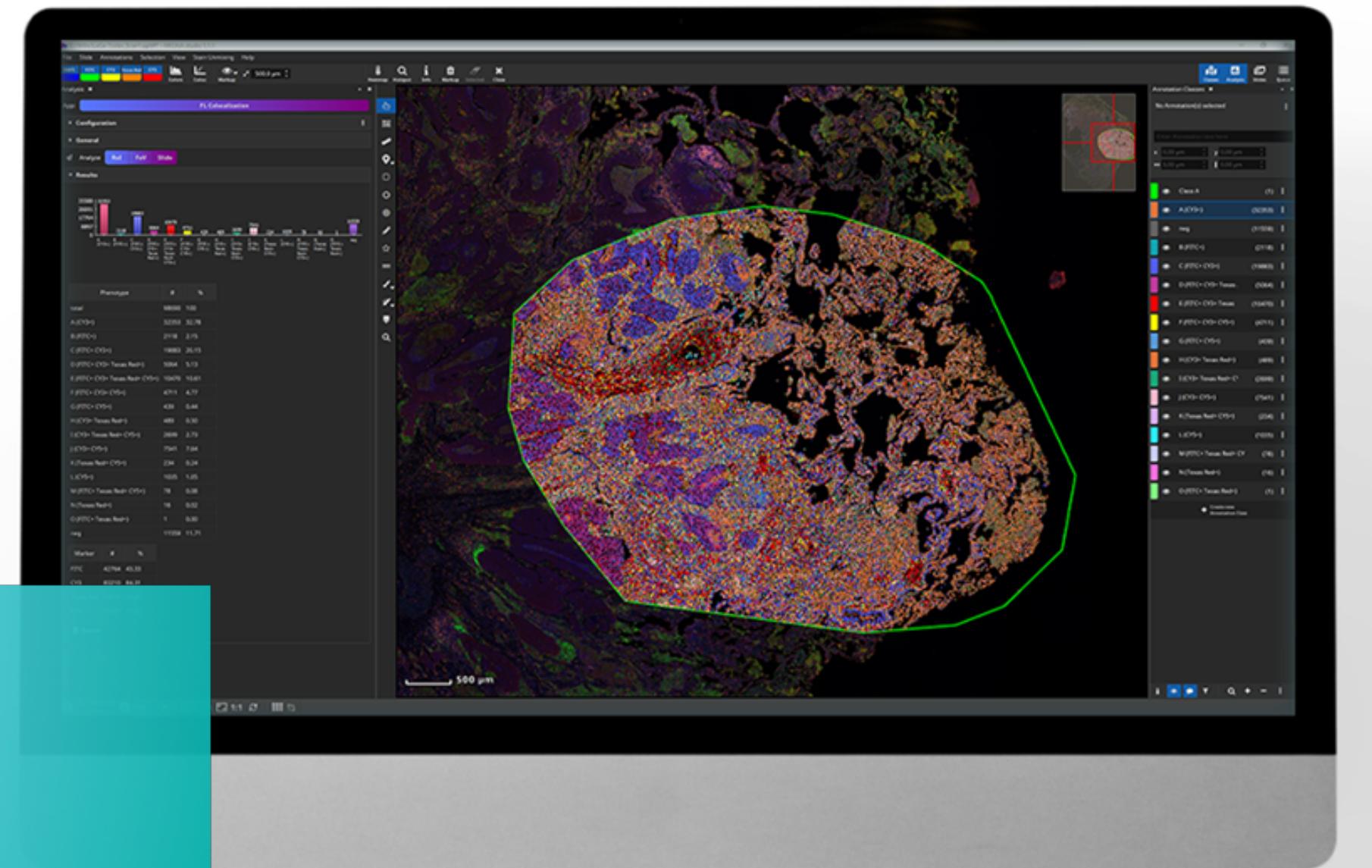


生物医学研究者的  
全幅切片图像分析



# 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。

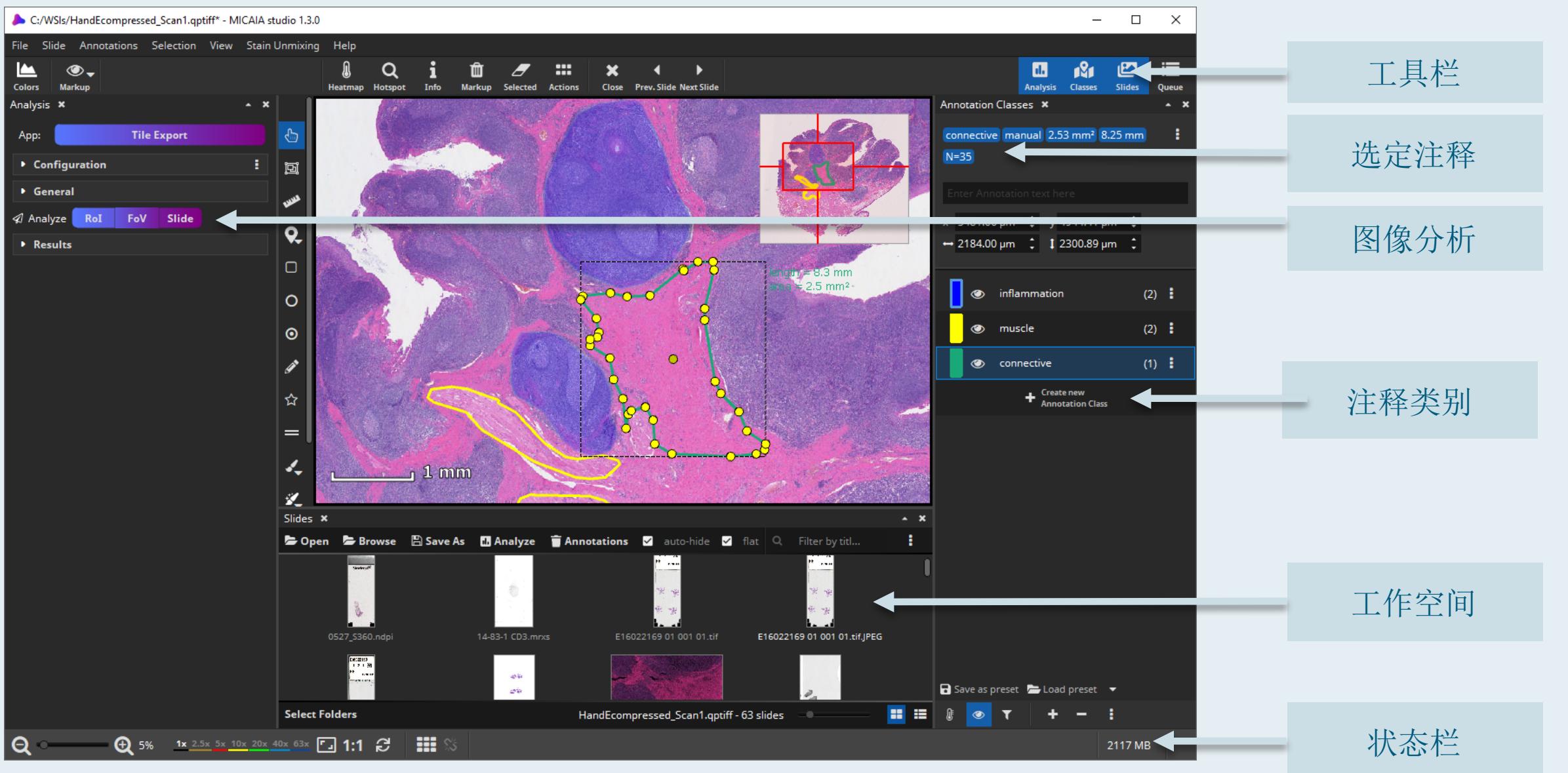
无论时间和压力如何影响，数字分析的结果都将会是一致的。它不会在一次较大的分析过程中潜意识地改变其评估标准。



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

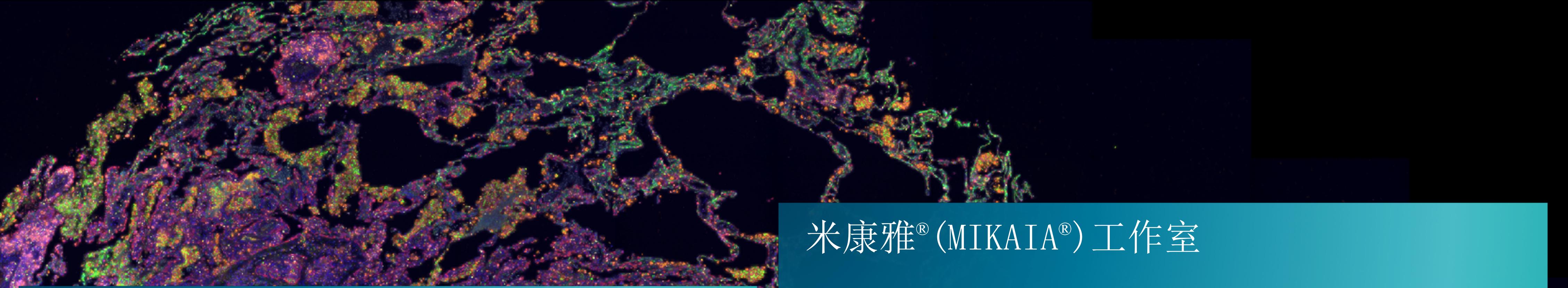


允许用户将自己的AI解决方案整合到应用程序API中(即将推出)\*

\*敬请期待

# 米康雅®(MIKAIA®) 在您的工作流中





## 米康雅®(MIKAIA®) 体验版

可在[www.mikaia.ai](http://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](http://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。

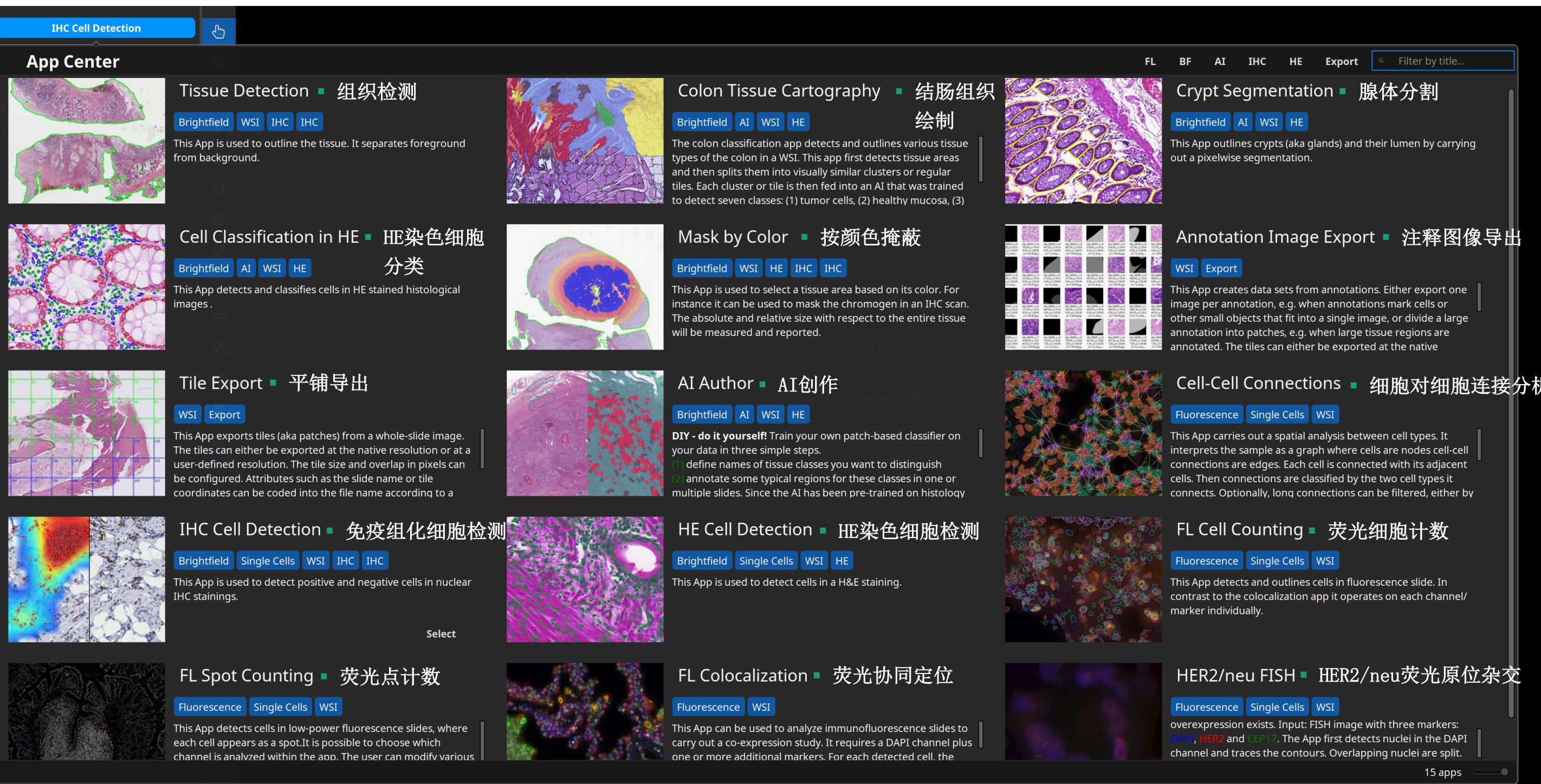


每个应用都会向WSIs添加注释。  
这些可作为下个应用的输入。

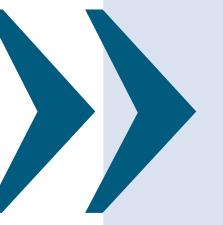
## 可扩展性

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。







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。

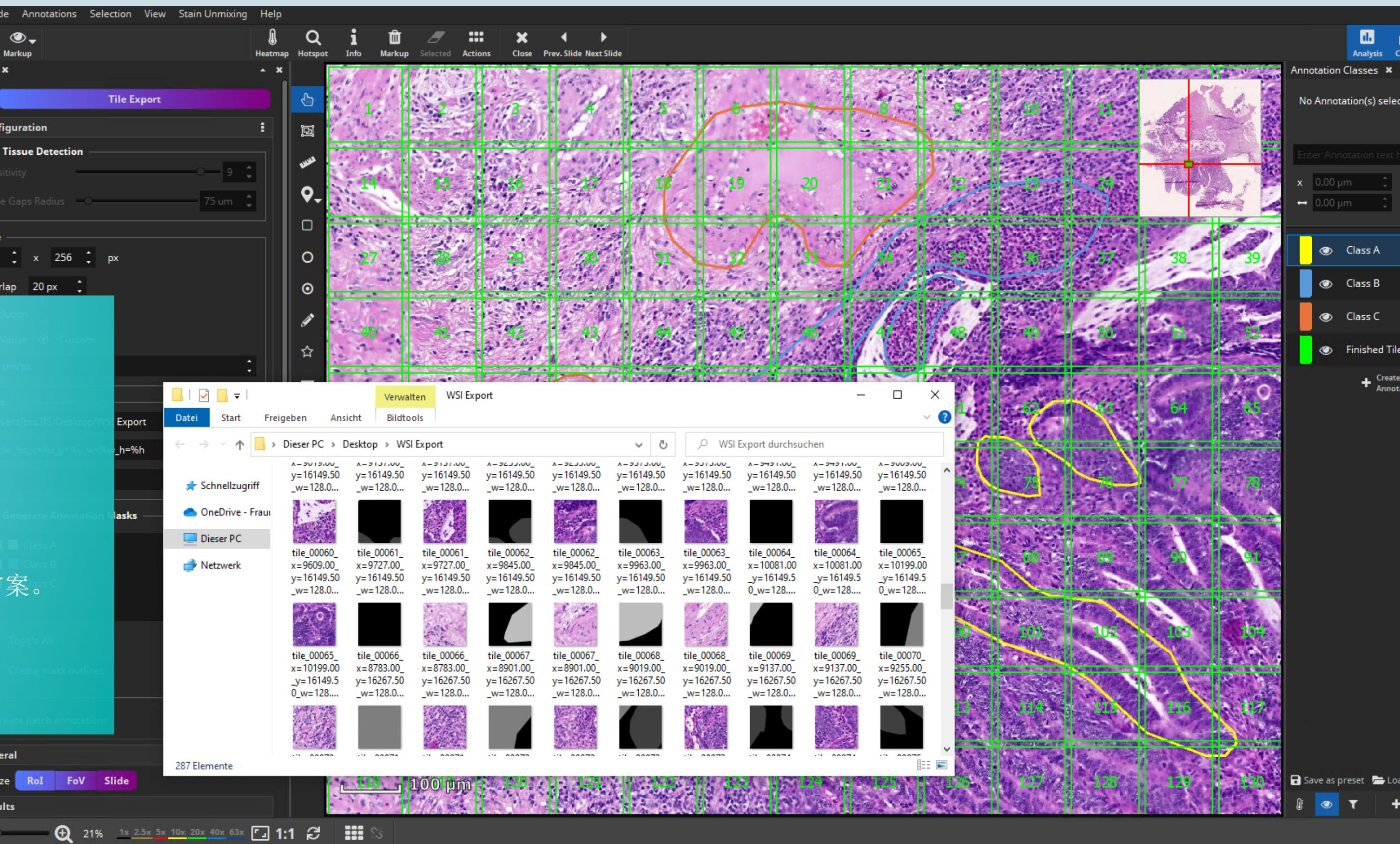
PD Dr. med. Carol-Immanuel Geppert MIAC, Senior Pathologist  
Head of Cytology & Digital Pathology  
University Hospital Erlangen-Nuremberg, Bavaria, Germany

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

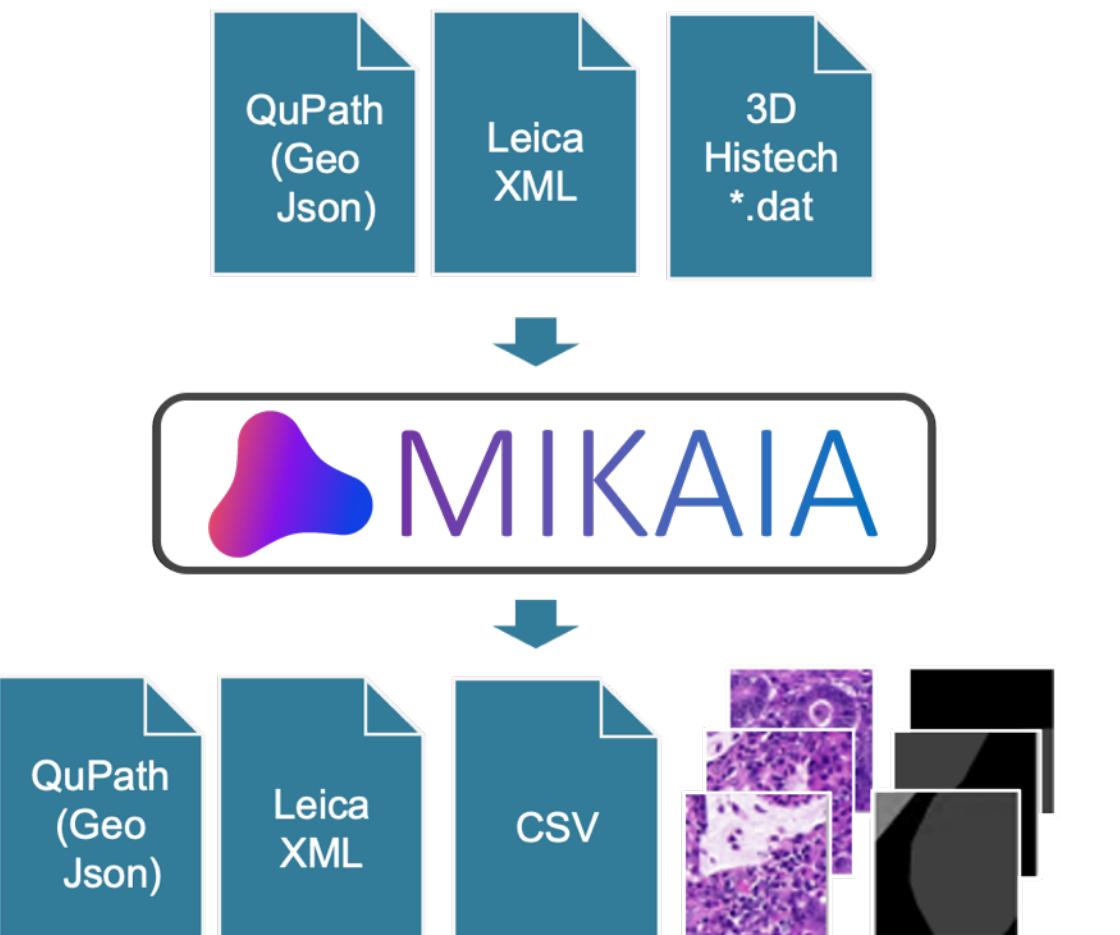
1. 创建类别A、B、C(可从模板创建选择)。
2. 手动注释或通过其中一个分析应用。
3. 在应用中心选择平铺/图块导出应用。
4. 设置所需的平铺/图块大小(px)、重叠、分辨率( $\mu\text{m}/\text{px}$ )与命名方案。
5. 应用程序将导出平铺/图块与掩膜分割至硬盘。
6. 在米康雅®(MIKAIA®)之外训练AI。



# 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。

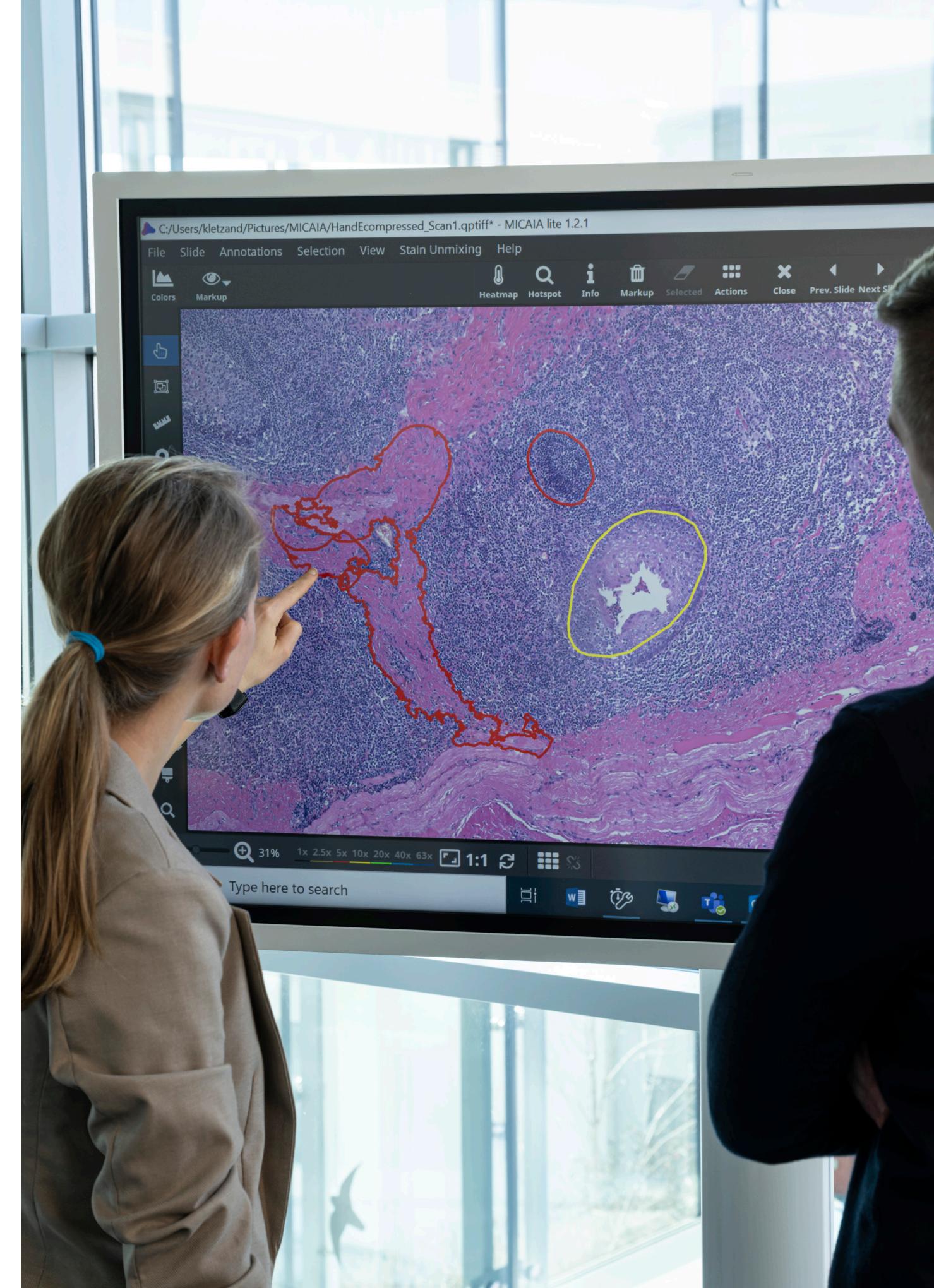
## 智能注释

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。

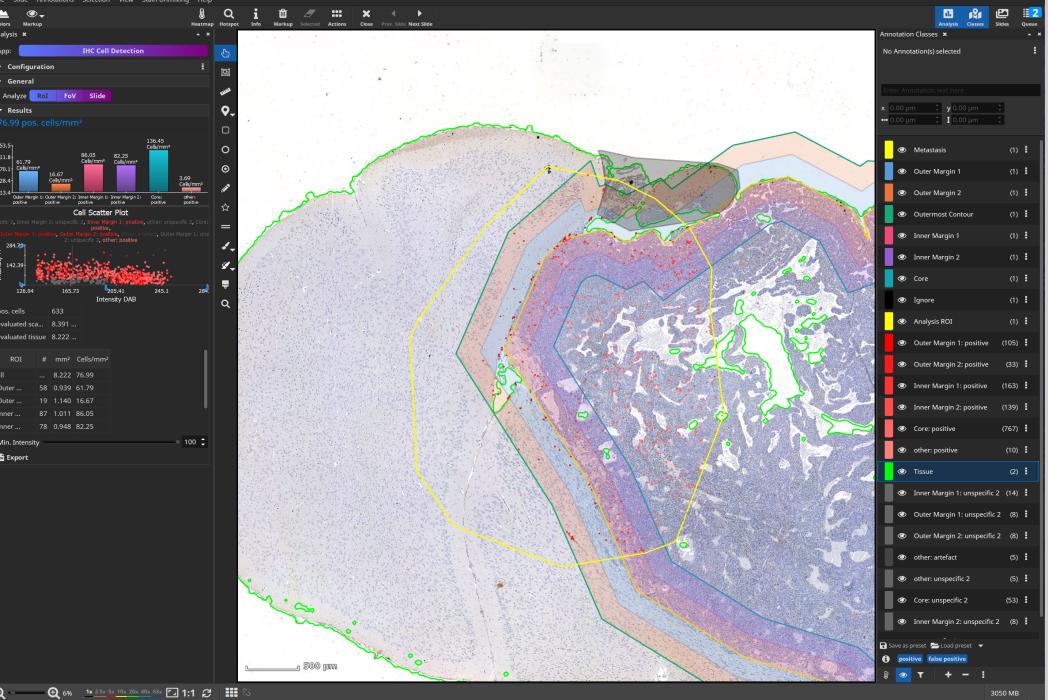
## 创建细胞数据集

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



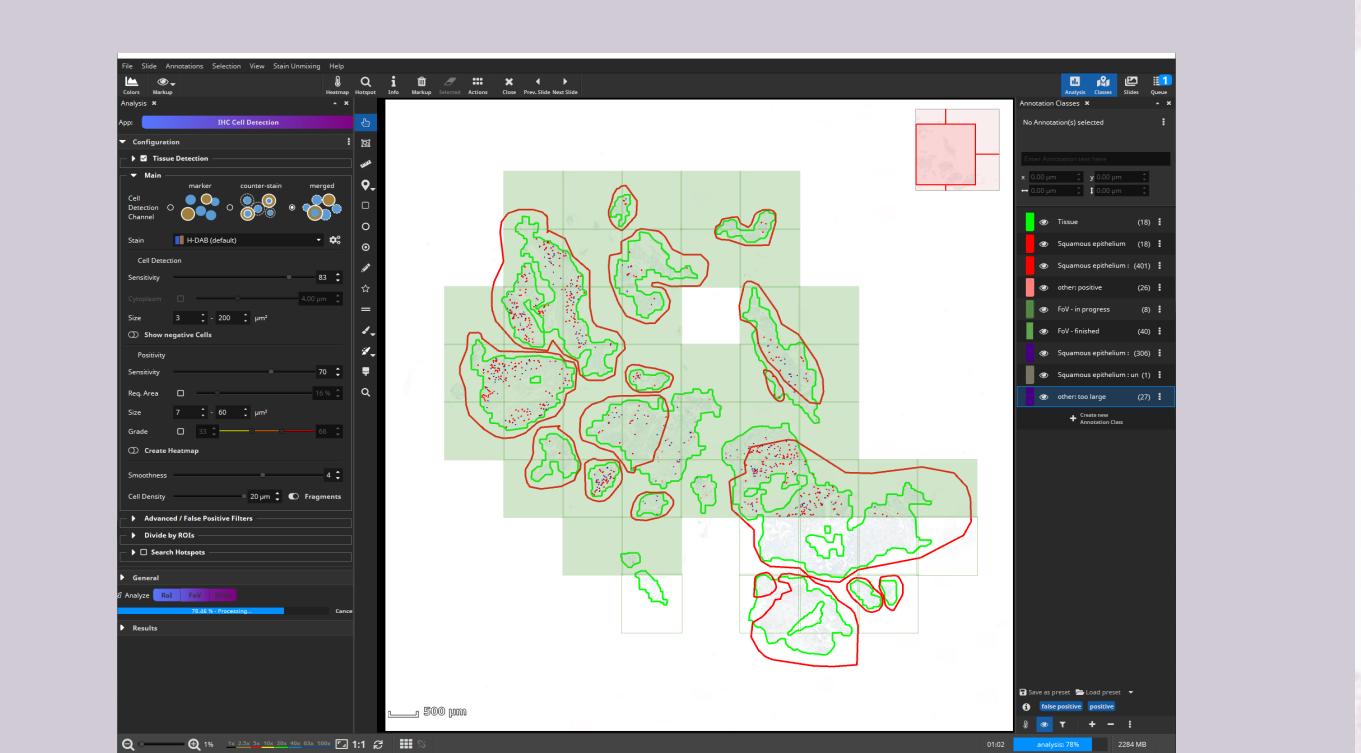
## CD3+T细胞在转移中的分析

目标: 测量转移内外及侵袭性边缘附近的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/mm<sup>2</sup>。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。

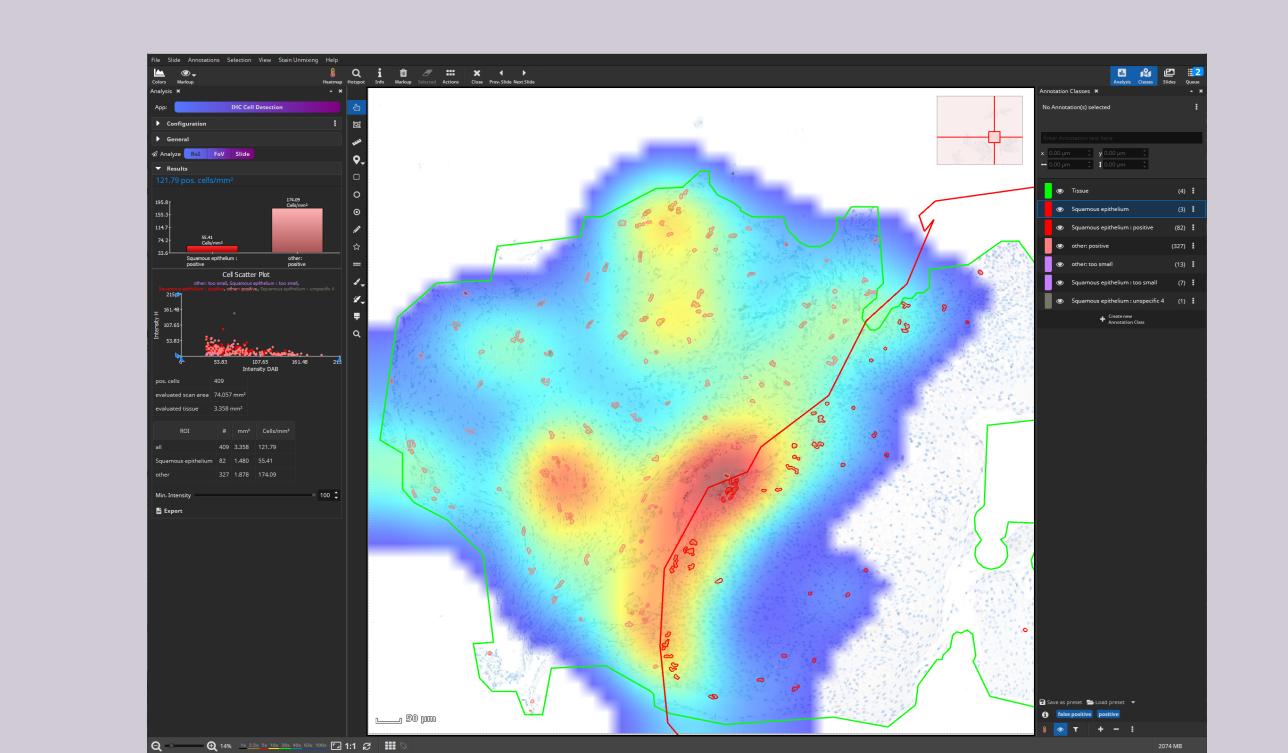


## CD117+肥大细胞分析

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。



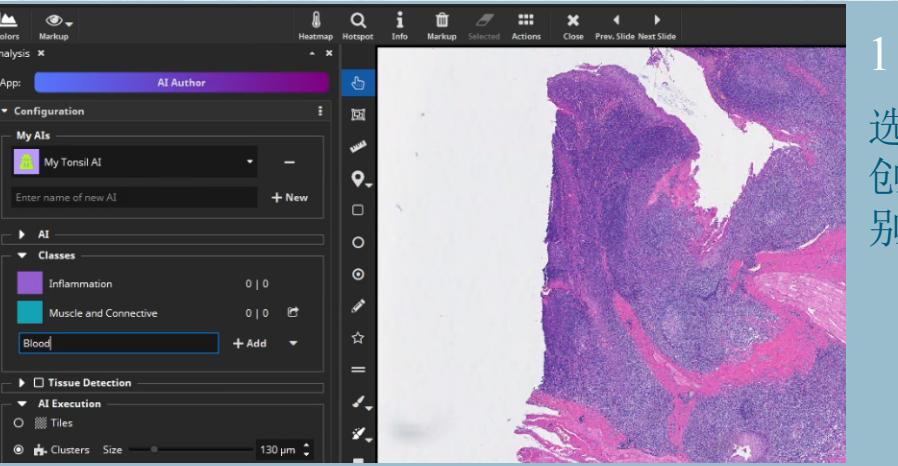
## 放大查看带有CD117肥大细胞染色的切片

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。

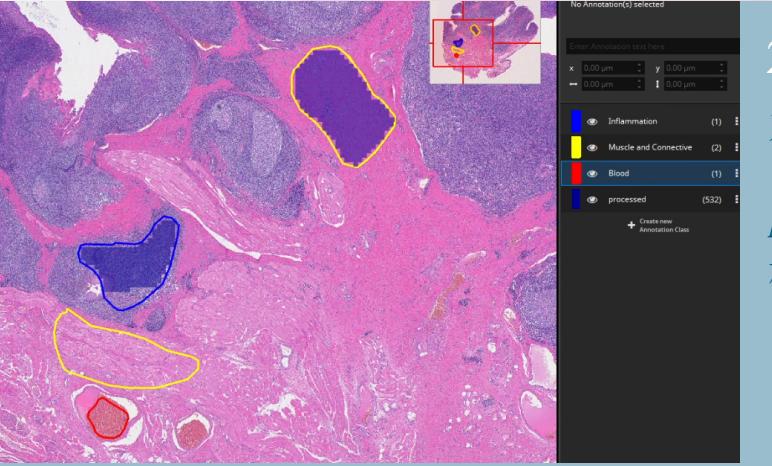
# AI创作工作流

通过设计，研究人员有他们想要回答的独特问题。



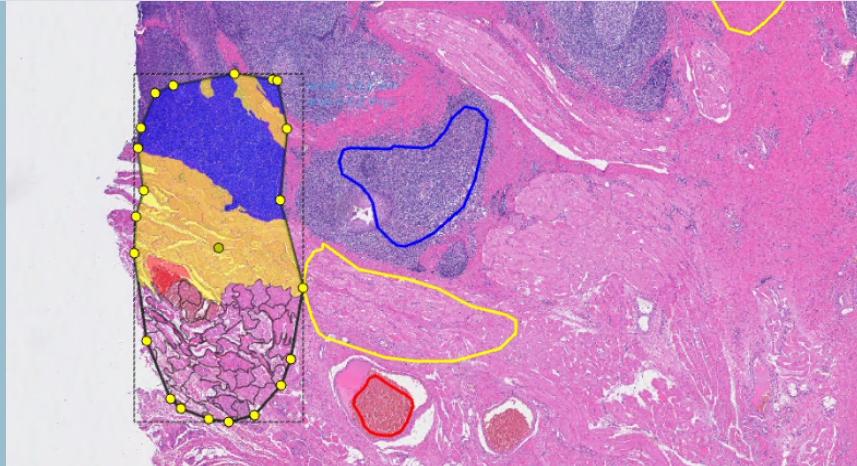
1

选择“AI创作”应用，  
创建新的AI并配置类  
别(这有3个)



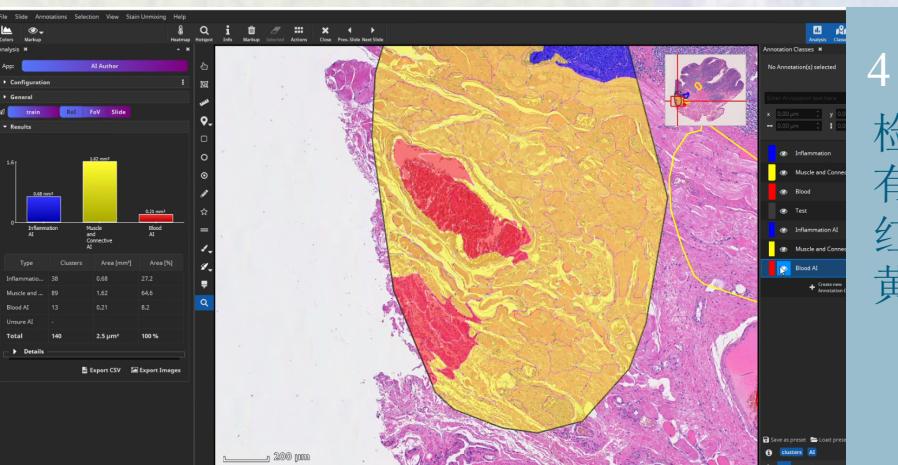
2

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。



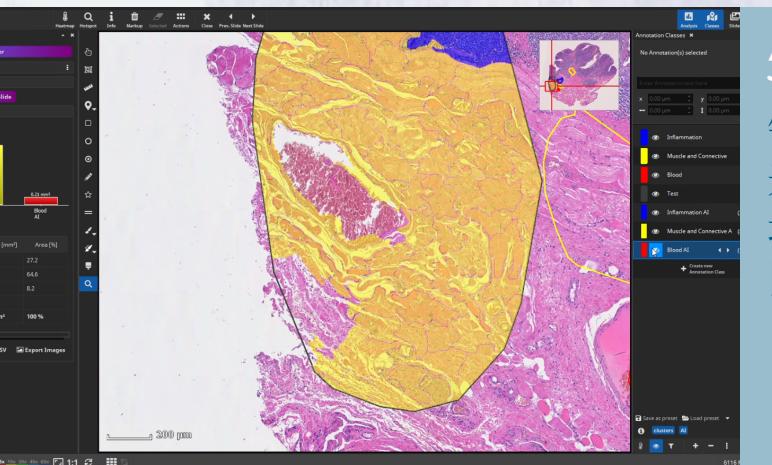
3

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



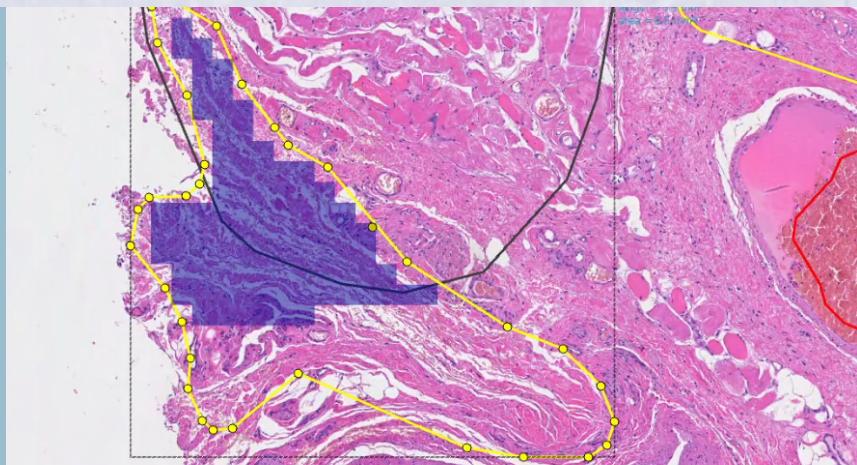
4

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。



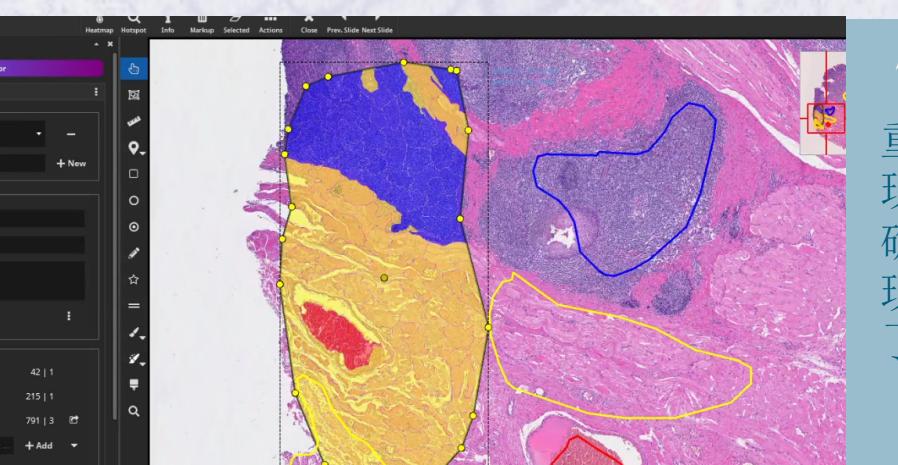
5

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。



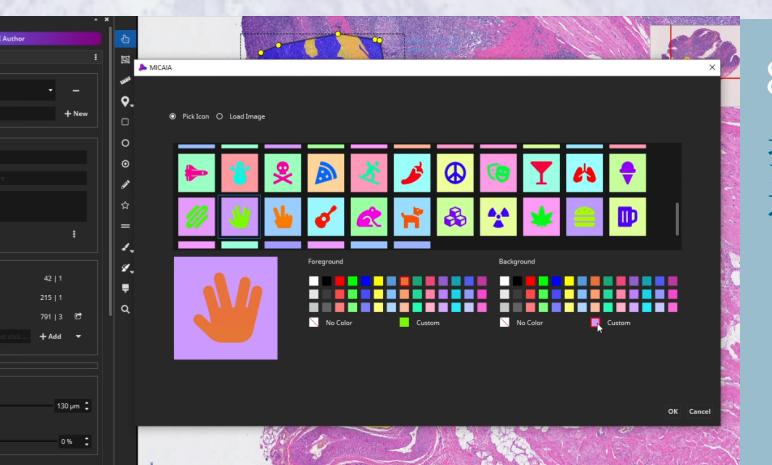
6

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。



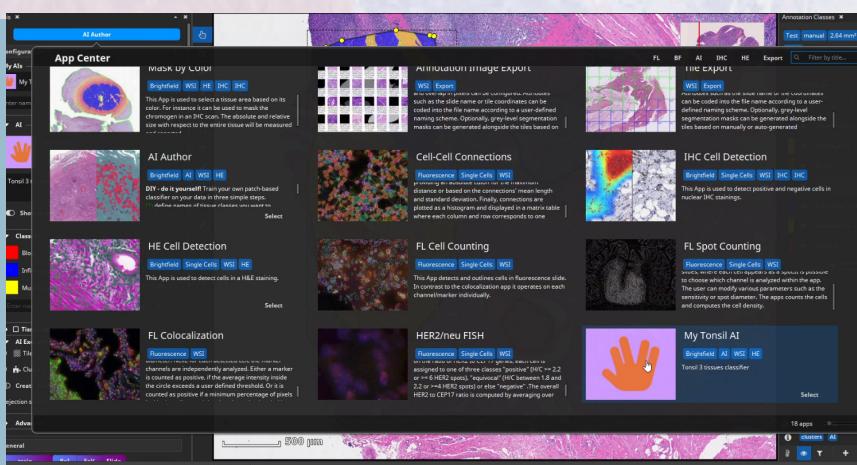
7

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®(MIKAIA®)应  
用中心的一个新应用程  
序。它也可以与其他米  
康雅®(MIKAIA®)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

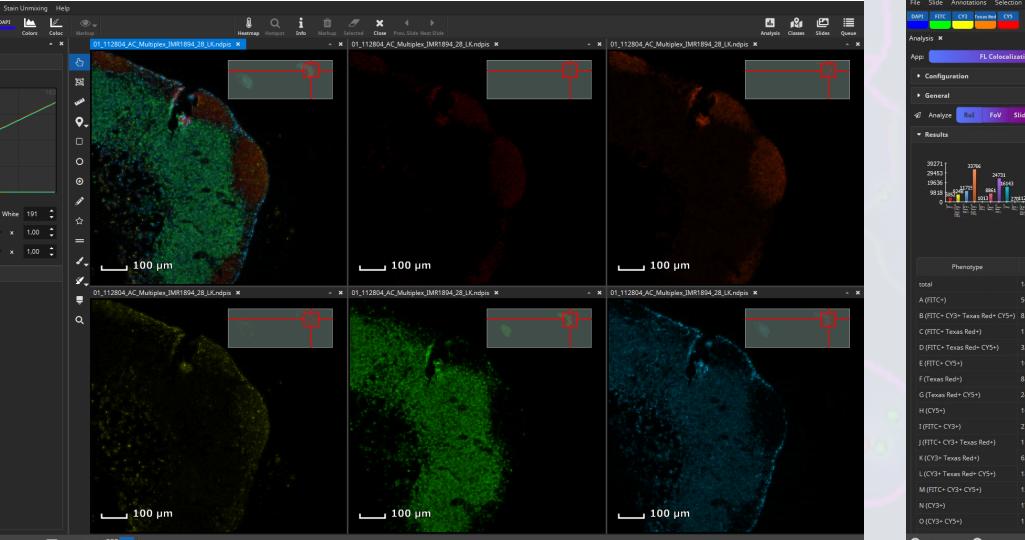
荧光共定位应用首先通过分析细胞标记通道在ROIs或Fov中检测并勾勒出所有细胞核(通常是DAPI)。然后，每个细胞核的注释会由用户定义的边界扩展包括细胞质。该应用将决定哪些标记在各细胞中被表达。至此，细胞表型派生被衍生出并在不同的注释类别中可视化。交互式密度热图可以选择启用，以显示某些细胞类型的热点。

### 3. 空间分析

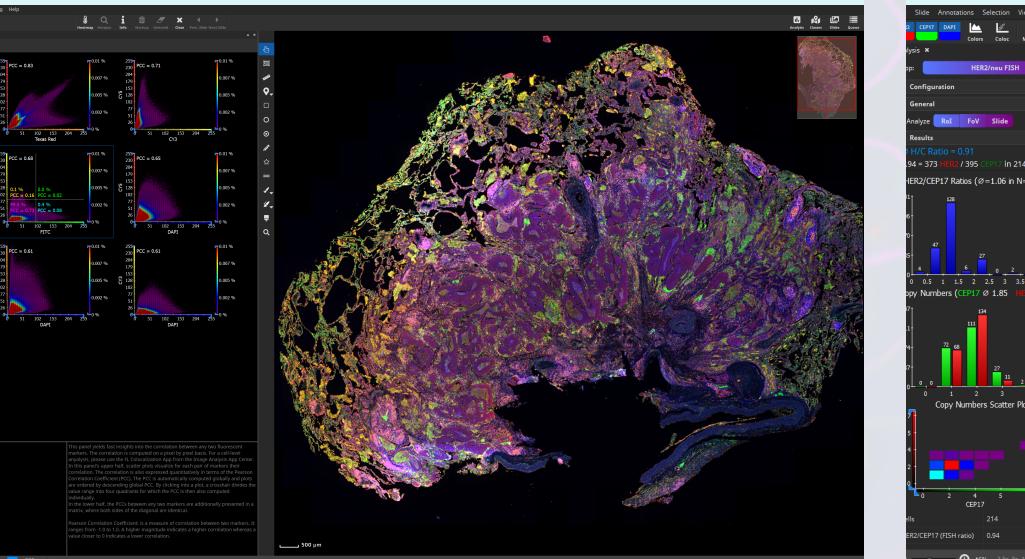
下一步，荧光细胞间连接应用在分类的细胞注释对象上运作，并连接每个细胞与其相邻的。从生成的图表得到各种各样的指标如：

- 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 $10.5 \mu\text{m} \pm 2.1$ ”

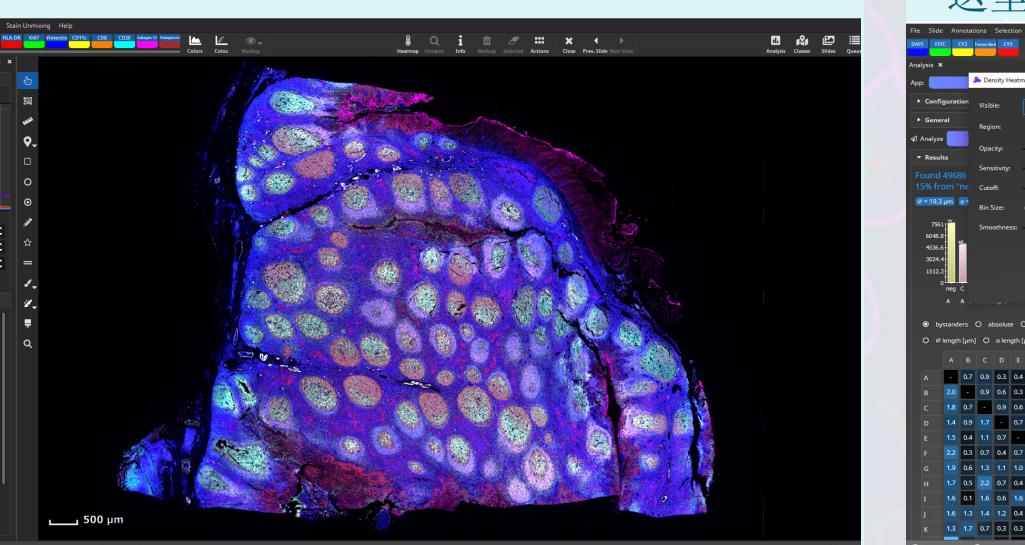
再次，可以启用密度热图并在细胞连接（细胞关系）上运作，以显示特定细胞类型相邻的热点。



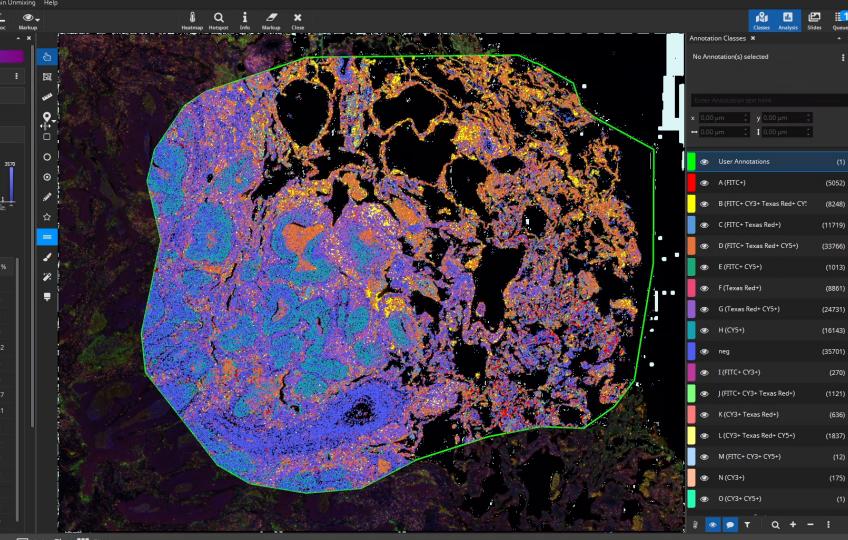
并排查看标记  
指针为镜像的



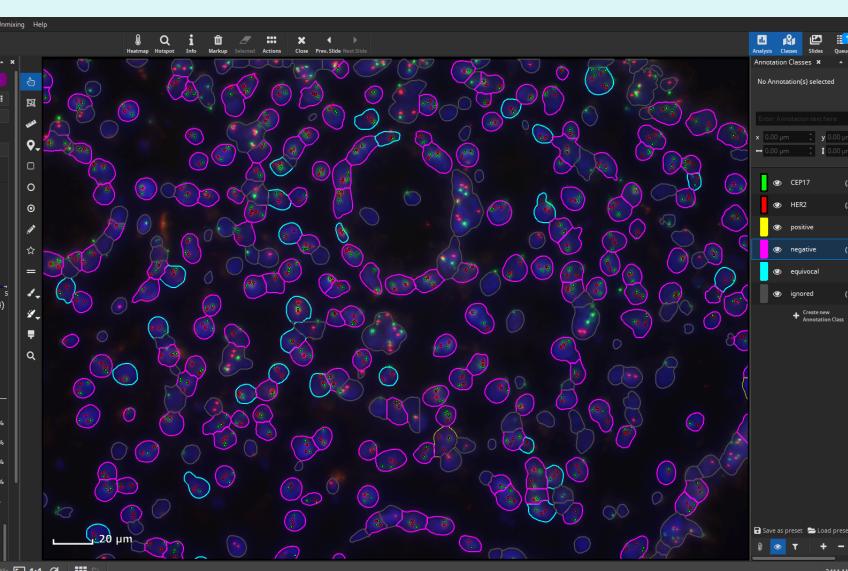
对的相关性分析(皮尔森相关性+散点图)



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

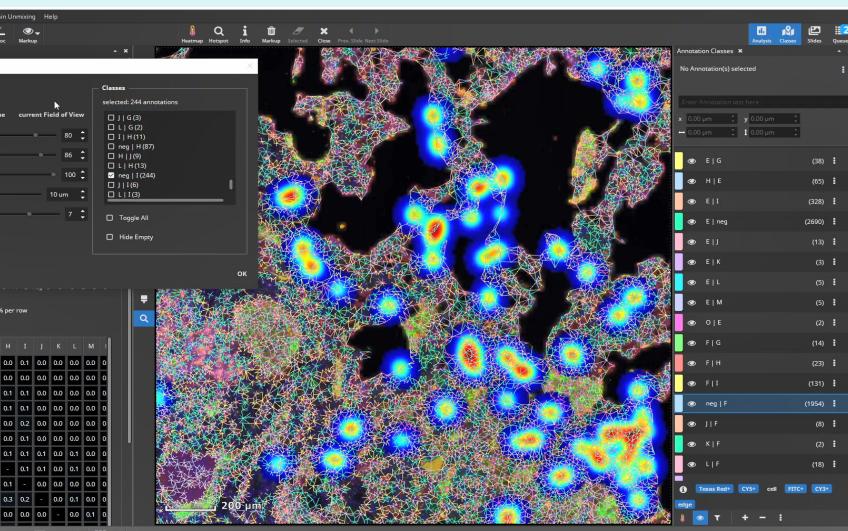


光共定位应用进行单细胞标记表达



## 原位(FISH)点分析应用

量：HER2/neu



细胞连接应用程序将相邻细胞连接从而形成一个整体。

# 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。

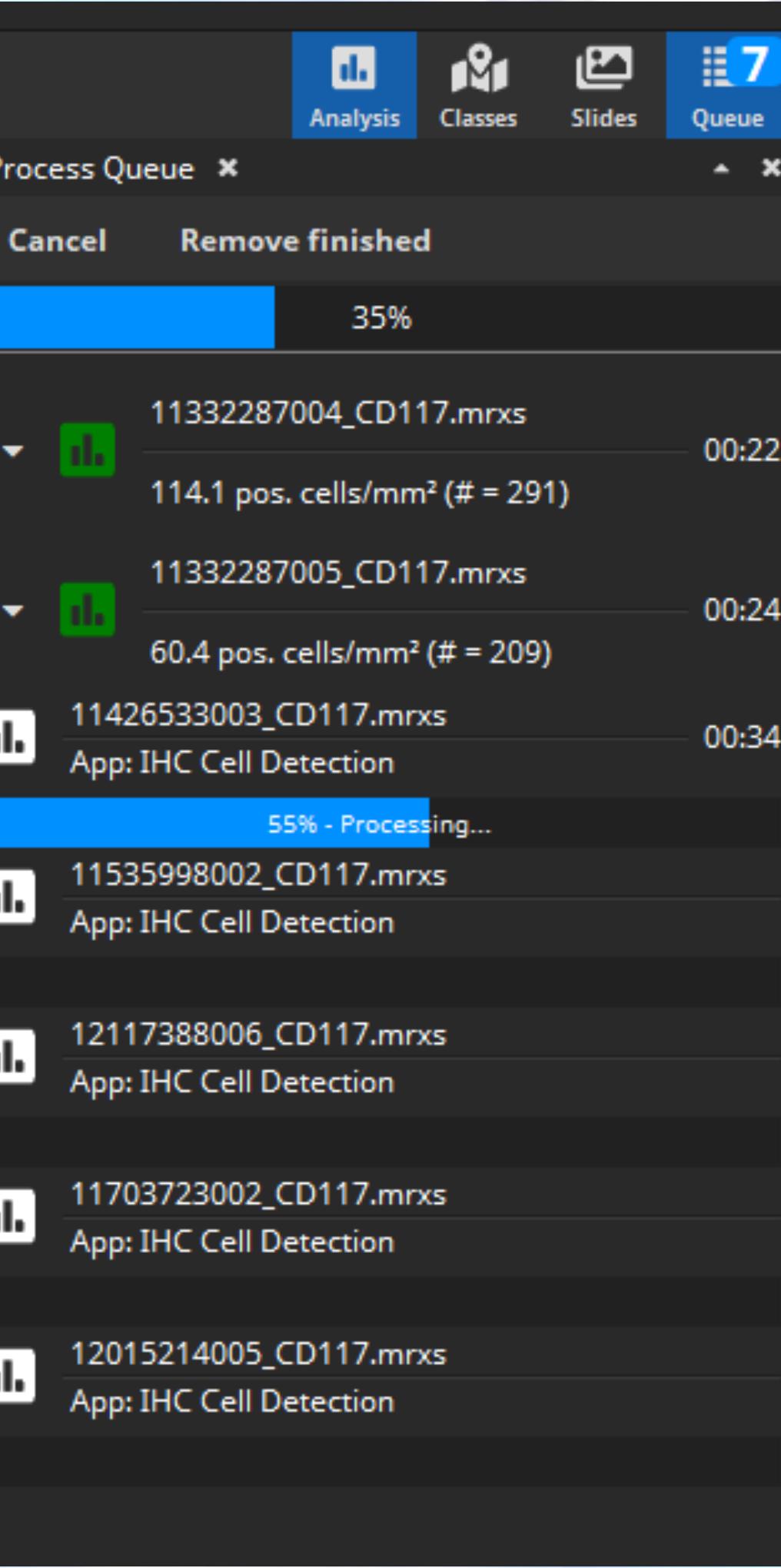
## 5. 获取并处理总结报告

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

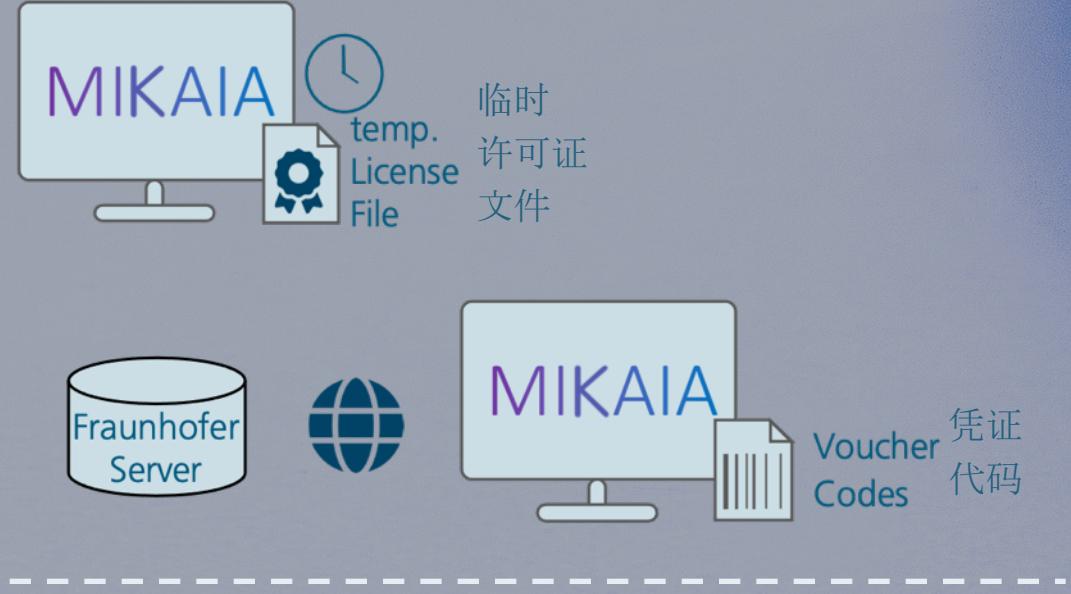
换言之, 它既包含行数据(如每个细胞的位置、大小及平均强度), 也包含了总结统计。仅通过显示特定类型的行与隐藏所有其他行, 就可以修改粒度。

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。

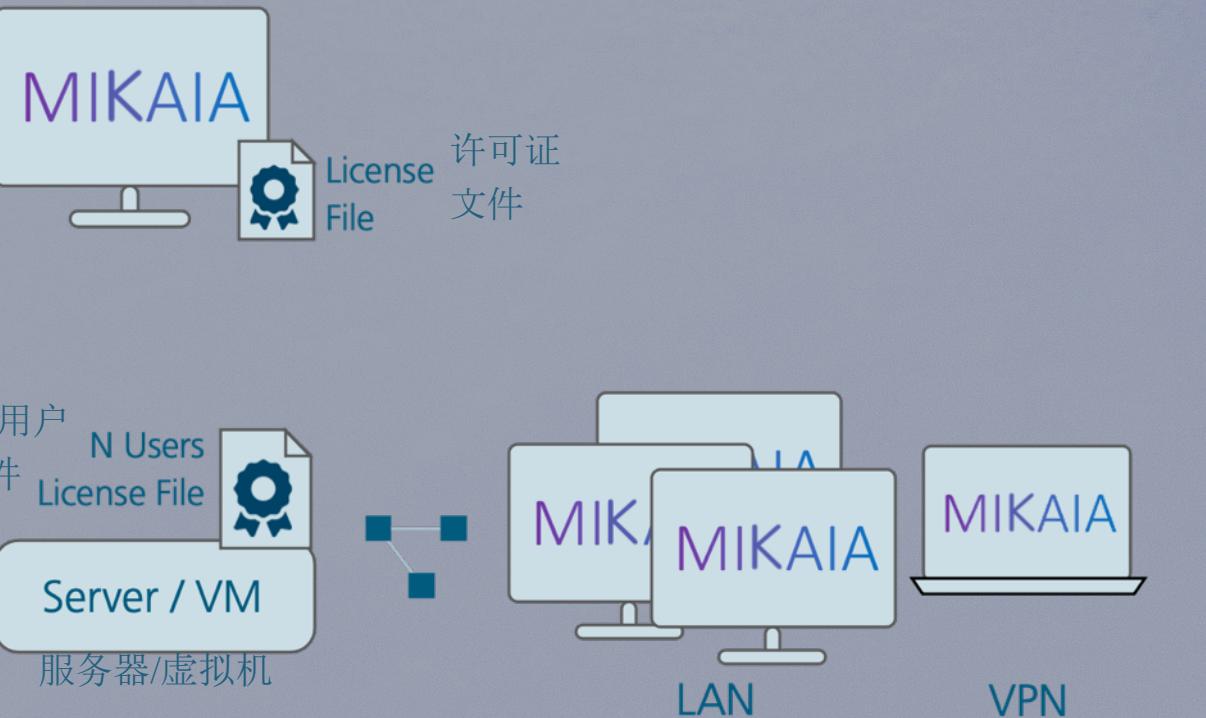


# 评估 & 激活

评估



永久激活



评估

评估 激活 永久激活

评估

## 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](http://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](http://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](http://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<sup>®</sup>(MIKAIA<sup>®</sup>)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<sup>®</sup>(MIKAIA<sup>®</sup>)。



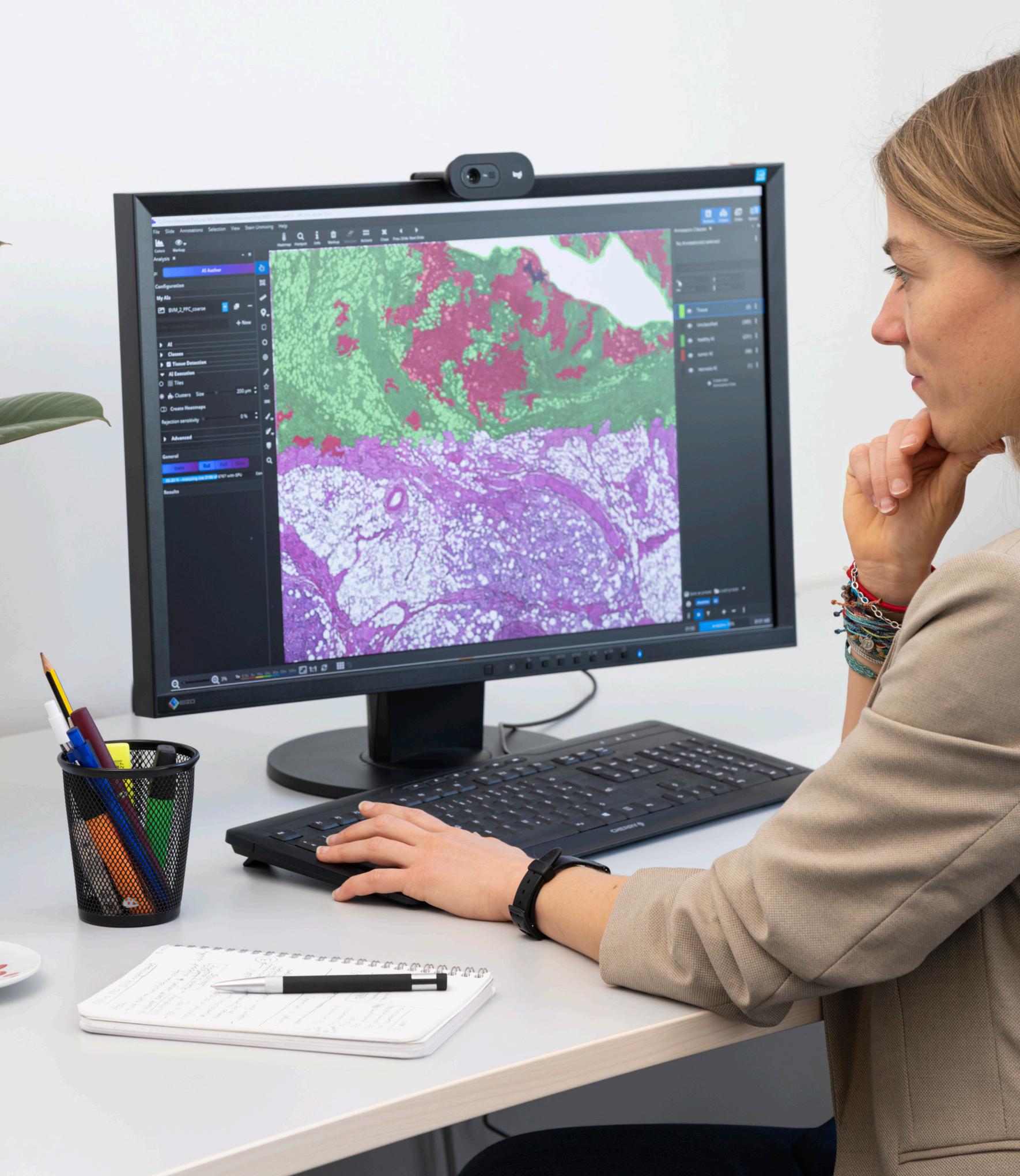
简易安装--不到一分钟即可开始

您可以直接从[www.mikaia.ai](http://www.mikaia.ai)下载米康雅<sup>®</sup>(MIKAIA<sup>®</sup>)。

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<sup>®</sup>(MIKAIA<sup>®</sup>)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](http://www.mikaia.ai)



总代理商:

[www.benestartech.com/mikaia](http://www.benestartech.com/mikaia)



咨询, 讨论您的项目, 报价等

[contact@benestartech.com](mailto: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