

# NEURA

## Neuronen-Rekonstruktions-Algorithmus

P. Broser<sup>1,2)</sup>, A. Heusel<sup>1)</sup>, R. Schulte<sup>1)</sup>, S. Eberhard<sup>3)</sup>, F. Helmchen<sup>2)</sup>, H. Heumann<sup>3)</sup>, S. Lang<sup>1)</sup>, A. Roth<sup>2)</sup>, B. Sakmann<sup>2)</sup>, C. Voßen<sup>1)</sup>, D. Wittum<sup>3)</sup>, G. Wittum<sup>1,3)</sup>

Das Gehirn von Säugetieren besteht aus Milliarden von Nervenzellen. Diese sind in komplexer Weise über Billionen von sog. Synapsen miteinander vernetzt. Änderungen im Verschaltungsmuster der Zellen sind wesentlicher Bestandteil der Flexibilität des Gehirns und ermöglichen Lernprozesse. Bisherige anatomische Studien basieren auf der Rekonstruktion von wenigen Nervenzellen. Ein Verstehen des im Gehirn ablaufenden Prozesses der Verarbeitung von Information wird erst möglich, wenn die Vernetzung vieler Nervenzellen untersucht ist. Eine Nervenzelle besteht aus einem Dendritenbaum, der Information sammelt, und einem Axonbaum, über den die verarbeitete Information über längere Strecken übertragen wird.

Neue Entwicklungen in der Mikroskopie wie z. Bsp. die Zwei-Photonen-Mikroskopie ermöglichen hochaufgelöste Aufnahmen von Neuronen im lebenden Tier. Damit ist es möglich, den Dendritenbaum von Nervenzellen automatisch zu rekonstruieren. Praktisch sind einige Vorverarbeitungsschritte erforderlich, bevor Geometrie und Verzweigungsbaum extrahiert werden können.

Hierzu wurde die Software NEURA als Werkzeug zur automatischen Rekonstruktion von Neuronen entwickelt. Sie faßt die notwendigen Verarbeitungsschritte zusammen und stellt andererseits dem Fachwissenschaftler Interaktionsmöglichkeiten zur Verfügung. Die Rekonstruktion erfolgt in den Schritten:

1. Filtern der Rohdaten
2. Segmentierung der Daten
3. Rekonstruktion der Geometrie

Datensätze aus Zwei-Photonen-Mikroskopen haben meist einen schlechten Signal-Rauschabstand, da mit Hilfe dieser Technik Gewebe von lebenden Tieren mikroskopiert wird. Direkte Rekonstruktionen aus diesen Daten sind hieraus nicht sinnvoll möglich. NEURA filtert die Daten mit Hilfe eines anisotropen, nichtlinearen Diffusionsfilters. Dieser Filter identifiziert eindimensionale Substrukturen im 3d-Bild, schließt Lücken in diesen und schärft sie. Zur Strukturerkennung nutzt der Filter den Strukturtenor.

Die nachfolgende Segmentierung, die auf lokalen Schwellwerten beruht, ordnet jedes Voxel eindeutig der Struktur oder deren Komplement zu. Dies wird iterativ gekoppelt mit der Filterung. Im Rekonstruktionsschritt wird eine diskrete Darstellung der Neuronengeometrie mit Hilfe stückweiser Zylinder erstellt. Der so entstandene Baum wird für die anschließende Simulation in gängigen Fileformaten ausgegeben.

Dieses ausgeklügelte Verfahren zur automatischen Rekonstruktion von Neuronen ist in dieser Art und in diesem Anwendungsgebiet vollständig neu. Mit dieser Methode lassen sich Neuronengeometrien aus Daten, die mit 2-Photonen Mikroskopen aufgenommen sind und deshalb einen besonders schlechten Signal-Rauschabstand haben, erstmals automatisch rekonstruieren.

Dies ermöglicht die Beobachtung von markierten Zellen im Gehirn lebender Tiere (Mäuse). Unsere Entwicklung ist daher essentiell für die Untersuchung neuronaler Plastizität, also geometrischer Veränderungen im Gehirn, die durch Lernprozesse entstehen.

1) SiT Universität Heidelberg

2) Zellphysiologie, MPI f. medizinische Forschung, Heidelberg

3) STZ, Steinbeis GmbH