

Informatik aktuell

Thomas Tolxdorff · Thomas M. Deserno
Heinz Handels · Andreas Maier
Klaus H. Maier-Hein
Christoph Palm *Hrsg.*

Bildverarbeitung für die Medizin 2020

Algorithmen – Systeme – Anwendungen.
Proceedings des Workshops
vom 15. bis 17. März 2020 in Berlin



Springer Vieweg

Informatik aktuell

Herausgegeben

im Auftrag der Gesellschaft für Informatik (GI)

Ziel der Reihe ist die möglichst schnelle und weite Verbreitung neuer Forschungs- und Entwicklungsergebnisse, zusammenfassender Übersichtsberichte über den Stand eines Gebietes und von Materialien und Texten zur Weiterbildung. In erster Linie werden Tagungsberichte von Fachtagungen der Gesellschaft für Informatik veröffentlicht, die regelmäßig, oft in Zusammenarbeit mit anderen wissenschaftlichen Gesellschaften, von den Fachausschüssen der Gesellschaft für Informatik veranstaltet werden. Die Auswahl der Vorträge erfolgt im allgemeinen durch international zusammengesetzte Programmkomitees.

Weitere Bände in der Reihe <http://www.springer.com/series/2872>

Thomas Tolxdorff · Thomas M. Deserno ·
Heinz Handels · Andreas Maier ·
Klaus H. Maier-Hein · Christoph Palm
(Hrsg.)

Bildverarbeitung für die Medizin 2020

Algorithmen – Systeme – Anwendungen.
Proceedings des Workshops
vom 15. bis 17. März 2020 in Berlin



Springer Vieweg

Hrsg.

Thomas Tolxdorff 
Institut für Medizinische Informatik
Charité – Universitätsmedizin Berlin
Berlin, Deutschland

Heinz Handels 
Institut für Medizinische Informatik
Universität zu Lübeck
Lübeck, Deutschland

Klaus H. Maier-Hein 
Medical Image Computing, E230
Deutsches Krebsforschungszentrum (DKFZ)
Heidelberg, Deutschland

Thomas M. Deserno 
Peter L. Reichertz Institut für Medizinische
Informatik
Technische Universität Braunschweig
Braunschweig, Deutschland

Andreas Maier 
Lehrstuhl für Mustererkennung
Friedrich-Alexander-Universität
Erlangen, Deutschland

Christoph Palm 
Fakultät für Informatik und Mathematik
Ostbayerische Technische Hochschule
Regensburg
Regensburg, Deutschland

ISSN 1431-472X

Informatik aktuell

ISBN 978-3-658-29266-9

ISBN 978-3-658-29267-6 (eBook)

<https://doi.org/10.1007/978-3-658-29267-6>

Die Deutsche Nationalbibliothek verzeichnet diese Publikation in der Deutschen Nationalbibliografie; detaillierte bibliografische Daten sind im Internet über <http://dnb.d-nb.de> abrufbar.

© Springer Fachmedien Wiesbaden GmbH, ein Teil von Springer Nature 2020

Das Werk einschließlich aller seiner Teile ist urheberrechtlich geschützt. Jede Verwertung, die nicht ausdrücklich vom Urheberrechtsgesetz zugelassen ist, bedarf der vorherigen Zustimmung des Verlags. Das gilt insbesondere für Vervielfältigungen, Bearbeitungen, Übersetzungen, Mikroverfilmungen und die Einspeicherung und Verarbeitung in elektronischen Systemen.

Die Wiedergabe von allgemein beschreibenden Bezeichnungen, Marken, Unternehmensnamen etc. in diesem Werk bedeutet nicht, dass diese frei durch jedermann benutzt werden dürfen. Die Berechtigung zur Benutzung unterliegt, auch ohne gesonderten Hinweis hierzu, den Regeln des Markenrechts. Die Rechte des jeweiligen Zeicheninhabers sind zu beachten.

Der Verlag, die Autoren und die Herausgeber gehen davon aus, dass die Angaben und Informationen in diesem Werk zum Zeitpunkt der Veröffentlichung vollständig und korrekt sind. Weder der Verlag, noch die Autoren oder die Herausgeber übernehmen, ausdrücklich oder implizit, Gewähr für den Inhalt des Werkes, etwaige Fehler oder Äußerungen. Der Verlag bleibt im Hinblick auf geografische Zuordnungen und Gebietsbezeichnungen in veröffentlichten Karten und Institutionsadressen neutral.

Springer Vieweg ist ein Imprint der eingetragenen Gesellschaft Springer Fachmedien Wiesbaden GmbH und ist ein Teil von Springer Nature.

Die Anschrift der Gesellschaft ist: Abraham-Lincoln-Str. 46, 65189 Wiesbaden, Germany

Bildverarbeitung für die Medizin 2020

Veranstalter

IMI Institut für Medizinische Informatik,
Charité-Universitätsmedizin Berlin

Unterstützende Fachgesellschaften

BVMI	Berufsverband Medizinischer Informatiker
CURAC	Computer- und Roboterassistierte Chirurgie
DAGM	Deutsche Arbeitsgemeinschaft für Mustererkennung
DGBMT	Fachgruppe Medizinische Informatik der Deutschen Gesellschaft für Biomedizinische Technik im Verband Deutscher Elektrotechniker
GI	Gesellschaft für Informatik – Fachbereich Informatik in den Lebenswissenschaften
GMDS	Gesellschaft für Medizinische Informatik, Biometrie und Epidemiologie
IEEE	Joint Chapter Engineering in Medicine and Biology, German Section

Tagungsvorsitz

Prof. Dr. Thomas Tolxdorff
Institut für Medizinische Informatik
Charité-Universitätsmedizin Berlin

Tagungssekretariat

Sabine Sassmann
Institut für Medizinische Informatik
Charité-Universitätsmedizin Berlin
Hindenburgdamm 30
12203 Berlin
Telefon: (030) 450 544 502
Email: medinfo@charite.de
Web: <http://bvm-workshop.org>

Lokale BVM-Organisation

Prof. Dr. Thomas Tolxdorff, PD Dr. Jürgen Braun, Greta Maltsenko,
Sabine Sassmann, Dr. Thorsten Schaaf, u.v.m.

Verteilte BVM-Organisation

Thomas Deserno, Hendrik Griesche, Sven Neumann, Aaron Wiora und Jamie-Céline Heitzig - Peter L. Reichertz Institut für Medizinische Informatik (PLRI), Technische Universität Braunschweig und Medizinische Hochschule Hannover (Tagungsband)

Heinz Handels und Jan-Hinrich Wrage - Institut für Medizinische Informatik, Universität zu Lübeck (Begutachtung)

Andreas Maier - Lehrstuhl für Mustererkennung, Universität Erlangen (Social Media, Special Issue)

Klaus Maier-Hein, André Klein und Jens Petersen - Abteilung Medizinische Bildverarbeitung, Deutsches Krebsforschungszentrum (DKFZ) Heidelberg (Anmeldung, Mailingliste)

Christoph Palm, Alexander Leis, Leonard Klausmann und Sümeyye R. Yildiran - Regensburg Medical Image Computing (ReMIC), Ostbayerische Technische Hochschule Regensburg (Internetpräsenz, Newsletter, Social Media)

Thomas Tolxdorff und Thorsten Schaaf - Institut für Medizinische Informatik, Charité-Universitätsmedizin Berlin (Internetpräsenz)

BVM-Komitee

Prof. Dr. Thomas M. Deserno, Peter L. Reichertz Institut für Medizinische Informatik (PLRI), Technische Universität Braunschweig und Medizinische Hochschule Hannover

Prof. Dr. Heinz Handels, Institut für Medizinische Informatik, Universität zu Lübeck

Prof. Dr. Andreas Maier, Lehrstuhl für Mustererkennung, Universität Erlangen
PD Dr. Klaus Maier-Hein, Abteilung Medizinische Bildverarbeitung, Deutsches Krebsforschungszentrum Heidelberg

Prof. Dr. Christoph Palm, Regensburg Medical Image Computing (ReMIC), Ostbayerische Technische Hochschule Regensburg

Prof. Dr. Thomas Tolxdorff, Institut für Medizinische Informatik, Charité-Universitätsmedizin Berlin

Programmkomitee

Felix Balzer, Charité-Universitätsmedizin Berlin
Jürgen Braun, Charité-Universitätsmedizin Berlin

Thorsten Buzug, Universität zu Lübeck
Thomas Deserno, TU Braunschweig
Hartmut Dickhaus, Universität Heidelberg
Georg Duda, Charité-Universitätsmedizin Berlin
Jan Ehrhardt, Universität zu Lübeck
Sandy Engelhardt, Hochschule Mannheim
Ralf Floca, DKFZ Heidelberg
Nils Forkert, University of Calgary, Canada
Horst Hahn, Fraunhofer MEVIS, Bremen
Heinz Handels, Universität zu Lübeck
Tobias Heimann, Siemens Erlangen
Mattias Heinrich, Universität zu Lübeck
Alexander Horsch, TU München und Uni Tromsø, Norwegen
Dagmar Kainmüller, MDC Berlin
Ron Kikinis, Harvard Medical School und Fraunhofer MEVIS Bremen
Frederick Klauschen, Charité-Universitätsmedizin Berlin
Dagmar Krefting, Universität Göttingen
Titus Kühne, DHZB Berlin
Andreas Maier, Universität Erlangen
Klaus Maier-Hein, DKFZ Heidelberg
Lena Maier-Hein, DKFZ Heidelberg
Andre Mastmeyer, Hochschule Aalen
Dorit Merhof, RWTH Aachen
Jan Modersitzki, Fraunhofer MEVIS, Lübeck
Heinrich Müller, TU Dortmund
Nassir Navab, TU München
Marco Nolden, DKFZ Heidelberg
Christoph Palm, OTH Regensburg
Fabian Prasser, BIH Berlin
Bernhard Preim, Universität Magdeburg
Petra Ritter, BIH Berlin
Karl Rohr, Universität Heidelberg
Sylvia Saalfeld, Universität Magdeburg
Ingolf Sack, Charité-Universitätsmedizin Berlin
Dennis Säring, Hochschule Wedel
Ingrid Scholl, Hochschule Aachen
Stefanie Speidel, HZDR/NCT Dresden
Thomas Tolxdorff, Charité-Universitätsmedizin Berlin
Klaus Tönnies, Universität Magdeburg
Gudrun Wagenknecht, Forschungszentrum Jülich
René Werner, Universität Hamburg
Thomas Wittenberg, Fraunhofer IIS, Erlangen
Ivo Wolf, Hochschule Mannheim

Sponsoren des Workshops BVM 2020

Die BVM wäre ohne die finanzielle Unterstützung der Industrie und nicht-industrieller Partner in ihrer erfolgreichen Konzeption nicht durchführbar.

Dieses Buchprojekt wurde durch die großzügige Förderung des Berliner Institut für Gesundheitsforschung / Berlin Institute of Health (BIH) ermöglicht, wofür wir uns an dieser Stelle herzlich bedanken möchten.



Darüber hinaus freuen wir uns sehr über die langjährige kontinuierliche Unterstützung mancher Firmen sowie auch über das neue Engagement anderer:

Platin-Sponsoren

Agfa HealthCare GmbH

Konrad-Zuse-Platz 1, 53227 Bonn

arxes-tolina GmbH

Piesporter Straße 37, 13088 Berlin

Bechtle AG

Kaiserin-Augusta-Allee 14, 10553 Berlin

Canon Medical Systems GmbH

Hellersbergstraße 4, 41460 Neuss

DEKOM Engineering GmbH

Hoheluft-Chaussee 108, 20253 Hamburg

Dell Technologies GmbH

Raffineriestraße 28, 06112 Halle (Saale)

ID GmbH & Co KGaA

Platz vor dem Neuen Tor 2, 10115 Berlin

Moyses & Partner IT Managementberatung

Adolfstraße 15, 65343 Eltville am Rhein

Philips GmbH

Röntgenstraße 22, 22335 Hamburg

Sectra Medical

Systems GmbH Gustav-Heinemann-Ufer 74c, 50968 Köln

Visage Imaging GmbH

Lepsiusstraße 70, 12163 Berlin

Gold-Sponsoren**Geschäftsbereich IT der Charité-Universitätsmedizin Berlin**

Charitéplatz 1, 10117 Berlin

Chili GmbH

Digital Radiology Friedrich-Ebert-Straße 2, 69221 Dossenheim

Siemens Healthineers GmbH

Henkestraße 127, 91052 Erlangen

Silber-Sponsoren**ADR AG**

Ludwig-Wagner-Straße 19, 69168 Wiesloch

Ayacandas GmbH

Neuer Zollhof 3, 40221 Düsseldorf

Circle Cardiovascular Imaging Inc.

Am Sandwerder 37, 14109 Berlin

Eizo Europe GmbH

Helmut-Grashoff-Straße 18, 41179 Mönchengladbach

FUJIFILM Europe GmbH

Heesenstrasse 31, 40549 Düsseldorf

Haption GmbH

Dennewartstraße 25, 52068 Aachen

Bronze-Sponsoren**AlgoMedica Europe GmbH**

Waldhofer Str. 102, 69123 Heidelberg

**GuiG – Gesellschaft für Unternehmensführung
im Gesundheitswesen mbH**

Rochusweg 8, 41516 Grevenbroich

Medneo GmbH

Hausvogteiplatz 12, 10117 Berlin

Medtron AG

Hauptstraße 255, 66128 Saarbrücken

Springer Vieweg Verlag

Abraham-Lincoln-Straße 46, 65189 Wiesbaden

Preisträger der BVM 2019 in Lübeck

Beste wissenschaftliche Arbeiten

1. **Katharina Breininger**

(FAU Erlangen-Nürnberg)

Breininger K, Hanika M, Weule M, Kowarschik M, Pfister M, Maier A:

3D-Reconstruction of Stiff Wires from a Single Monoplane X-Ray Image.

2. **Lasse Hansen**

(Institut für Medizinische Informatik, Universität zu Lübeck)

Hansen L, Siebert M, Diesel J, Heinrich MP:

Regularized Landmark Detection with CAEs for Human Pose Estimation in the Operating Room.

3. **Nils Gessert**

(Medical Technology, Hamburg University of Technology)

Gessert N, Wittig L, Drömann D, Keck T, Schläefer A, Ellebrecht DB:

Feasibility of Colon Cancer Detection in Confocal Laser Microscopy Images Using Convolution Neural Networks.

Bester Vortrag

Fabian Isensee

(Department of Medical Image Computing, German Cancer Research Center, Heidelberg)

Isensee F, Petersen J, Klein A, Zimmerer D, Jaeger PF, Kohl S, Wasserthal J, Koehler G, Norajitra T, Wirkert S, Maier-Hein KH:

nnU-Net: Self-adapting Framework for U-Net-Based Medical Image Segmentation.

Bestes Poster

Johannes Maier

(Regensburg Medical Image Computing (ReMIC), OTH Regensburg)

Maier J, Weiherer M, Huber M, Palm C:

Imitating Human Soft Tissue with Dual-Material 3D Printing.

Vorwort

Die Analyse und Verarbeitung medizinischer Bilddaten hat sich nach vielen Jahren rasanter Entwicklung als zentraler Bestandteil diagnostischer und therapeutischer Verfahren fest etabliert. Von Wissenschaft und Industrie kontinuierlich fortentwickelte Methodik und Gerätetechnik sorgen für eine stetig steigende Datenkomplexität. Diese Informationsvielfalt, gepaart mit ständig wachsender Verarbeitungsgeschwindigkeit von Rechnersystemen, verlangt neue Methoden, um die möglich gewordenen Vorteile zum Wohl von Patienten erschließen zu können. Die computergestützte Bildverarbeitung wird mit dem Ziel eingesetzt, Strukturen automatisch zu erkennen und insbesondere pathologische Abweichungen aufzuspüren und zu quantifizieren, um so beispielsweise zur Qualitätsverbesserung in der Diagnostik beizutragen.

Doch die Anforderungen sind hoch, um die Fähigkeiten eines Experten bei der Begutachtung von medizinischem Bildmaterial sinnvoll zu unterstützen. Dennoch gelingt dies durch zielgerichtete Algorithmen in Kombination mit der Leistungsfähigkeit moderner Computer. So wird es möglich, die Methoden der medizinischen Bildverarbeitung zur Unterstützung der Medizin und zum Nutzen der Patienten einzusetzen. Der Workshop Bildverarbeitung für die Medizin (BVM) bietet hier ein Podium zur Präsentation und Diskussion neuer Algorithmen, Systeme und Anwendungen.

Die BVM konnte sich durch erfolgreiche Veranstaltungen in Aachen, Berlin, Erlangen, Freiburg, Hamburg, Heidelberg, Leipzig, Lübeck und München als ein zentrales interdisziplinäres Forum für die Präsentation und Diskussion von Methoden, Systemen und Anwendungen der medizinischen Bildverarbeitung etablieren. Ziel ist die Darstellung aktueller Forschungsergebnisse und die Vertiefung der Gespräche zwischen Wissenschaftlern, Industrie und Anwendern.

Die BVM richtet sich dabei erneut ausdrücklich auch an Nachwuchswissenschaftler, die über ihre Bachelor-, Master-, Promotions- und Habilitationsprojekte berichten werden.

Der diesjährige Workshop findet nunmehr zum fünften Mal in Berlin statt und verbindet in diesem Jahr insbesondere wissenschaftlich hochaktuelle Themen mit dem klinischen Alltag. Neben spannenden Beiträgen der Teilnehmer konnten hierzu zwei hochinteressante eingeladene Vorträge gewonnen werden:

- Prof. Dr. Anja Hennemuth aus dem Institut für kardiovaskuläre Computergestützte Medizin der Charité–Universitätsmedizin Berlin wird in ihrem eingeladenen Vortrag eine Übersicht über die Bildbasierte Modellierung in der Kardiologischen Medizin geben.
- Prof. Dr. Marcus Makowski aus dem Institut für Radiologie der Charité–Universitätsmedizin Berlin thematisiert die gewebecharakterisierende Bildgebung bei kardiovaskulären und abdominalen Pathologien mit Hilfe der reproduzierbaren Relaxationsparameter T1 und T2 in der quantitativen Kernspintomographie.

Die auf Fachkollegen aus Berlin, Braunschweig, Erlangen, Heidelberg, Lübeck und Regensburg verteilte Organisation hat sich auch diesmal wieder bewährt. Die web-basierte Einreichung und Begutachtung der Tagungsbeiträge wurde dankenswerterweise wieder von den Kollegen in Lübeck durchgeführt und ergab nach anonymisierter Bewertung durch jeweils drei Gutachter die Annahme von 76 Beiträgen: 28 Vorträge, 47 Poster und eine Softwaredemonstration. Die Qualität der eingereichten Arbeiten war insgesamt wieder sehr hoch. Die besten Arbeiten werden auch in diesem Jahr mit wertvollen BVM-Preisen ausgezeichnet. Die schriftlichen Langfassungen erscheinen in diesem Tagungsband, der von den Braunschweiger Kollegen aufbereitet und vom Springer-Verlag herausgegeben wird. Die LaTeX-Vorlage zur BVM wurde erneut verbessert und der gesamte Erstellungsprozess ausschließlich über das Internet abgewickelt, ebenso wie die von den Heidelberger Kollegen organisierte Tagungsanmeldung. Die Internetpräsentation des Workshops wird in Regensburg gepflegt und bietet ausführliche Informationen über das Programm und organisatorische Details rund um die BVM 2020. Sie sind zusammen mit den Inhalten der vergangenen Workshops auch über den Tagungstermin hinaus abrufbar unter der Adresse

<https://www.bvm-workshop.org>

An dieser Stelle möchten wir allen, die bei den umfangreichen Vorbereitungen zum Gelingen des Workshops beigetragen haben, unseren herzlichen Dank für ihr Engagement bei der Organisation des Workshops aussprechen: den Referenten der Gastvorträge, den Autoren der Beiträge, den Industrierepräsentanten, dem Programmkomitee, den Fachgesellschaften, den Mitgliedern des BVM-Organisationsteams und allen Mitarbeitern des Instituts für Medizinische Informatik der Charité.

Wir wünschen allen Teilnehmerinnen und Teilnehmern des Workshops BVM 2020 interessante Vorträge, nachhaltige Gespräche an den Postern und in der Industrieausstellung sowie spannende neue Kontakte zu Kolleginnen und Kollegen aus dem Bereich der medizinischen Bildverarbeitung.

Januar 2020

Thomas Tolxdorff (Berlin)
 Thomas Deserno (Braunschweig)
 Andreas Maier (Erlangen)
 Heinz Handels (Lübeck)
 Klaus Maier-Hein (Heidelberg)
 Christoph Palm (Regensburg)

Inhaltsverzeichnis

Die fortlaufende Nummer am linken Seitenrand entspricht den Beitragsnummern, wie sie im endgültigen Programm des Workshops zu finden sind. Dabei steht V für Vortrag, P für Poster und S für Softwaredemonstration.

Session 1: Verarbeitung Optischer Bilddaten

V1	<i>Marc Aubreville, Christof A. Bertram, Samir Jabari, Christian Marzahl, Robert Klopffleisch, Andreas Maier:</i> Inter-Species, Inter-Tissue Domain Adaptation for Mitotic Figure Assessment: Learning New Tricks from Old Dogs	1
V2	<i>Roman Spilger, Tobias Schwackenhofer, Charlotte Kaspar, Ilka Bischofs, Karl Rohr:</i> Deep Segmentation of Bacteria at Different Stages of the Life Cycle	8
V3	<i>Maximilian Weiherer, Martin Zorn, Thomas Wittenberg, Christoph Palm:</i> Retrospective Color Shading Correction for Endoscopic Images	14

Session 2: Erklärbarkeit Deep Learning

V4	<i>Markus Bauer, Sebastian Zürner, Georg Popp, Glen Kristiansen, Ulf-Dietrich Braumann:</i> Neural Network for Analyzing Prostate Cancer Tissue Microarrays: Problems and Possibilities	20
----	---	----

V5	<i>Christian Marzahl, Marc Aubreville, Christof A. Bertram, Stefan Gerlach, Jennifer Maier, Jörn Voigt, Jenny Hill, Robert Klopffleisch, Andreas Maier: Is Crowd-Algorithm Collaboration an Advanced Alternative to Crowd-Sourcing on Cytology Slides?</i>	26
V6	<i>Lasse Hansen, Maximilian Blendowski, Mattias P. Heinrich: Abstract: Defence of Mathematical Models for Deep Learning-Based Registration</i>	32
V7	<i>Weilin Fu, Katharina Breininger, Zhaoya Pan, Andreas Maier: Degenerating U-Net on Retinal Vessel Segmentation: What Do We Really Need?</i>	33

Postersession 1

P1	<i>Jalil Ahmed, Sulaiman Vesal, Felix Durlak, Rainer Kaergel, Nishant Ravikumar, Martine Rémy-Jardin, Andreas Maier: COPD Classification in CT Images Using a 3D Convolutional Neural Network</i>	39
P2	<i>Oliver Mietzner, Andre Mastmeyer: Automatische Detektion von Zwischenorgan-3D-Barrieren in abdominalen CT-Daten</i>	46
P3	<i>Ibraheem Al-Dhamari, Sabine Bauer, Eva Keller, Dietrich Paulus: Abstract: Automatic Detection of Cervical Spine Ligaments Origin and Insertion Points</i>	52
P4	<i>Christian Matek, Simone Schwarz, Karsten Spiekermann, Carsten Marr: Abstract: Recognition of AML Blast Cells in a Curated Single-Cell Dataset of Leukocyte Morphologies Using Deep Convolutional Neural Networks</i>	53
P5	<i>Marcin Kopaczka, Richard Lindenpütz, Daniel Truhn, Maximilian Schulze-Hagen, Dorit Merhof: Fully Automated Segmentation of the Psoas Major Muscle in Clinical CT Scans</i>	55

P6	<i>Max Dünwald, Matthew J. Betts, Alessandro Sciarra, Emrah Düzel, Steffen Oeltze-Jafra: Automated Segmentation of the Locus Coeruleus from Neuromelanin-Sensitive 3T MRI Using Deep Convolutional Neural Networks</i>	61
P7	<i>Jennifer Maier, Luis Carlos Rivera Monroy, Christopher Syben, Yejin Jeon, Jang-Hwan Choi, Mary Elizabeth Hall, Marc Levenston, Garry Gold Rebecca Fahrig, Andreas Maier: Multi-Channel Volumetric Neural Network for Knee Cartilage Segmentation in Cone-beam CT</i>	67
P8	<i>Malte Jauer, Saksham Goel, Yash Sharma, Thomas M. Deserno: Abstract: WeLineation: STAPLE-Based Crowdsourcing for Image Segmentation</i>	73
P9	<i>Santiago Estrada, Ran Lu, Sailesh Conjeti, Ximena Orozco, Joana Panos, Monique M.B Breteler, Martin Reuter: Abstract: Fully Automated Deep Learning Pipeline for Adipose Tissue Segmentation on Abdominal Dixon MRI</i>	74
P10	<i>Ching-Sheng Chang, Jin-Fa Lin, Ming-Ching Lee, Christoph Palm: Semantic Lung Segmentation Using Convolutional Neural Networks</i>	75
P11	<i>Ina Kompan, Charlotte Debus, Michael Ingrisch, Klaus Maier-Hein, Amir Abdollahi, Marco Nolden, Ralf Floca: Abstract: MITK-ModelFit: Generic Open-Source Framework for Model Fitting</i>	81
P12	<i>Lennart Husvogt, Stefan B. Ploner, Daniel Stromer, Julia Schottenhamml, Eric Moult, James G. Fujimoto, Andreas Maier: Compressed Sensing for Optical Coherence Tomography Angiography Volume Generation</i>	82

Postersession 2

P13	<i>Florian Hennig, Florian Pfiz, Diana Mîndroc-Filimon, Lena Maier-Hein, Bünyamin Pekdemir, Alexander Seitel, Alfred Michael Franz: Reproduzierbare Kalibrierung von elektromagnetischen Feldverzerrungen: Experimente mit einem miniaturisierten Feldgenerator, befestigt an einer Ultraschallsonde</i>	88
P14	<i>Dominik Eckert, Sulaiman Vesal, Ludwig Ritschl, Steffen Kappler, Andreas Maier: Deep Learning-Based Denoising of Mammographic Images Using Physics-Driven Data Augmentation</i>	95
P15	<i>Wolfgang Reiter: Video Anomaly Detection in Post-Procedural Use of Laparoscopic Videos</i>	102
P16	<i>Chandranth Jayachandran Preetha, Hendrik Mattern, Medha Juneja, Johannes Vogt, Oliver Speck, Thomas Hartkens: Entropy-Based SVM Classifier for Automatic Detection of Motion Artifacts in Clinical MRI</i>	108
P17	<i>Philipp Roser, Annette Birkhold, Alexander Preuhs, Markus Kowarschik, Rebecca Fahrig, Andreas Maier: Tenfold Your Photons: Physically-Sound Approach to Filtering-Based Variance Reduction of Monte-Carlo-Simulated Dose Distributions</i>	114
P18	<i>Jule Steinert, Thomas Wittenberg, Vera Bednarzig, Rainer Detsch, Joelle Claussen, Stefan Gerth: CT-Based Non-Destructive Quantification of 3D-Printed Hydrogel Implants</i>	120
P19	<i>Philipp Roser, Annette Birkhold, Alexander Preuhs, Bernhard Stimpel, Christopher Syben, Norbert Strobel, Markus Kowarschik, Rebecca Fahrig, Andreas Maier: Fully-Automatic CT Data Preparation for Interventional X-Ray Skin Dose Simulation</i>	126
P20	<i>Nadine Kuhnert, Lea Pflüger, Andreas Maier: Prediction of MRI Hardware Failures Based on Image Features Using Time Series Classification</i>	132

P21	<i>Nadine Kuhnert, Lea Pflüger, Andreas Maier:</i> Prediction of MRI Hardware Failures Based on Image Features Using Ensemble Learning	138
P22	<i>Christian Lucas, Linda F. Aulmann, André Kemmling, Amir Madany Mamlouk Mattias P. Heinrich:</i> Abstract: Estimation of the Principal Ischaemic Stroke Growth Directions for Predicting Tissue Outcomes	144
P23	<i>Azeem Bootwala, Katharina Breininger, Andreas Maier, Vincent Christlein:</i> Assistive Diagnosis in Ophthalmology Using Deep Learning-Based Image Retrieval	145
P24	<i>Duc Duy Pham, Gurbandurdy Dovletov, Sebastian Serong, Stefan Landgraeber, Marcus Jäger, Josef Pauli:</i> Multitask-Learning for the Extraction of Avascular Necrosis of the Femoral Head in MRI	151

Session 3: Registrierung

V8	<i>Siming Bayer, Ute Spiske, Jie Luo, Tobias Geimer, William M. Wells III, Martin Ostermeier, Rebecca Fahrig, Arya Nabavi, Christoph Bert, Ilker Eyüpoglu, Andreas Maier:</i> Investigation of Feature-Based Nonrigid Image Registration Using Gaussian Process	157
V9	<i>Annkristin Lange, Stefan Heldmann:</i> Intensity-Based 2D-3D Registration Using Normalized Gradient Fields	164
V10	<i>Alexander Preuhs, Michael Manhart, Philipp Roser, Bernhard Stimpel, Christopher Syben, Marios Psychogios, Markus Kowarschik, Andreas Maier:</i> Deep Autofocus with Cone-Beam CT Consistency Constraint	170
V11	<i>Alessa Hering, Stefan Heldmann:</i> mlVIRNET: Improved Deep Learning Registration Using a Coarse to Fine Approach to Capture all Levels of Motion	176

Session 4: Bildrekonstruktion und -verbesserung mit KI-Methoden

V12	<i>Florian Kordon, Andreas Maier, Benedict Swartman, Holger Kunze: Font Augmentation: Implant and Surgical Tool Simulation for X-Ray Image Processing</i>	177
V13	<i>Timo Kepp, Helge Sudkamp, Claus von der Burchard, Hendrik Schenke, Peter Koch, Gereon Hüttmann, Johann Roeder, Mattias P. Heinrich, Heinz Handels: Abstract: Segmentation of Retinal Low-Cost Optical Coherence Tomography Images Using Deep Learning</i>	184
V14	<i>Elisabeth Hoppe, Florian Thamm, Gregor Körzdörfer, Christopher Syben, Franziska Schirmacher, Mathias Nitka, Josef Pfeuffer, Heiko Meyer, Andreas Maier: Abstract: RinQ Fingerprinting: Recurrence-Informed Quantile Networks for Magnetic Resonance Fingerprinting</i>	185
V15	<i>Jan-Nico Zaech, Cong Gao, Bastian Bier, Russell Taylor, Andreas Maier, Nassir Navab, Mathias Unberath: Abstract: Learning to Avoid Poor Images: Towards Task-Aware C-Arm Cone-Beam CT Trajectories</i>	186
V16	<i>Yixing Huang, Lei Gao, Alexander Preuhs, Andreas Maier: Field of View Extension in Computed Tomography Using Deep Learning Prior</i>	187

Session 5: Segmentierung

V17	<i>Maximilian Blendowski, Mattias P. Heinrich: Abstract: Self-Supervised 3D Context Feature Learning on Unlabeled Volume Data</i>	193
V18	<i>Felix Denzinger, Michael Wels, Katharina Breininger, Anika Reidelshöfer, Joachim Eckert, Michael Sühling, Axel Schmermund, Andreas Maier: Deep Learning Algorithms for Coronary Artery Plaque Characterisation from CCTA Scans</i>	194

V19	<i>David Zimmerer, Fabian Isensee, Jens Petersen, Simon Kohl, Klaus Maier-Hein</i> : Abstract: Unsupervised Anomaly Localization Using Variational Auto-Encoders	200
V20	<i>Felix Denzinger, Michael Wels, Katharina Breininger, Anika Reidelshöfer, Joachim Eckert, Michael Sühling, Axel Schmermund, Andreas Maier</i> : Abstract: Coronary Artery Plaque Characterization from CCTA Scans Using DL and Radiomics	201
V21	<i>Hristina Uzunova, Paul Kaftan, Matthias Wilms, Nils D. Forkert, Heinz Handels, Jan Ehrhardt</i> : Quantitative Comparison of Generative Shape Models for Medical Images	202

Session 6: Neuroimaging

V22	<i>Leonie Henschel, Sailesh Conjeti, Santiago Estrada, Kersten Diers, Bruce Fischl, Martin Reuter</i> : Abstract: Fast-Surfer: Fast and Accurate Deep Learning-Based Neuroimaging Pipeline	209
V23	<i>Benjamin Behrendt, Samuel Voss, Oliver Bewing, Bernhard Preim, Philipp Berg, Sylvia Saalfeld</i> : VICTORIA: VIRTUAL Neck Curve and True Ostium Reconstruction of Intracranial Aneurysms	209
V24	<i>Jens Petersen, Paul F. Jäger, Fabian Isensee, Simon A. Kohl, Ulf Neuberger, Wolfgang Wick, Jürgen Debus, Sabine Heiland, Martin Bendszus, Philipp Kickingeder, Klaus H. Maier-Hein</i> : Abstract: Deep Probabilistic Modeling of Glioma Growth	215
V25	<i>Leonie Henschel, Martin Reuter</i> : Parameter Space CNN for Cortical Surface Segmentation	216

Postersession 3

P25	<i>Roman Schaffert, Markus Weiß, Jian Wang, Anja Borsdorf, Andreas Maier</i> : Learning-Based Correspondence Estimation for 2-D/3-D Registration	222
-----	--	-----

P26	<i>Sven Kuckertz, Nils Papenberg, Jonas Honegger, Tomasz Morgas, Benjamin Haas, Stefan Heldmann</i> : Abstract: Deep Learning-Based CT-CBCT Image Registration for Adaptive Radio Therapy	229
P27	<i>Roman Schaffert, Jian Wang, Peter Fischer, Anja Borsdorf, Andreas Maier</i> : Learning-Based Misalignment Detection for 2-D/3-D Overlays	230
P28	<i>Hanna Siebert, Mattias P. Heinrich</i> : Deep Groupwise Registration of MRI Using Deforming Autoencoders	236
P29	<i>Marcin Kopaczka, Tobias Jacob, Lisa Ernst, Mareike Schulz, René Tolba, Dorit Merhof</i> : Robust Open Field Rodent Tracking Using a Fully Convolutional Network and a Softargmax Distance Loss	242
P30	<i>Julian Hossbach, Lennart Husvagt, Martin F. Kraus, James G. Fujimoto, Andreas K. Maier</i> : Deep OCT Angiography Image Generation for Motion Artifact Suppression	248
P31	<i>Merlin A. Nau, Stefan B. Ploner, Eric M. Moulton, James G. Fujimoto, Andreas K. Maier</i> : Open Source Simulation of Fixational Eye Drift Motion in OCT Scans: Towards Better Comparability and Accuracy in Retrospective OCT Motion Correction	254
P32	<i>Florian Kordon, Peter Fischer, Maxim Privalov, Benedict Swartman, Marc Schnetzke, Jochen Franke, Ruxandra Lasowski, Andreas Maier, Holger Kunze</i> : Abstract: Multi-Task Framework for X-Ray Guided Planning in Knee Surgery	260
P33	<i>Sonja Jäckle, Verónica García-Vázquez, Felix von Haxthausen, Tim Eixmann, Malte Maria Sieren, Hinnerk Schulz-Hildebrandt, Gereon Hüttmann, Floris Ernst, Markus Kleemann, Torben Pätz</i> : Abstract: 3D Catheter Guidance Including Shape Sensing for Endovascular Navigation	261
P34	<i>Hakan Calim, Andreas Maier</i> : Erlernbarkeitsstudie eines vibrotaktilen Armbands für assistive Navigation	262

P35	<i>Shyamalakshmi Haridasan, Bernhard Preim, Christian Nael, Gabriel Mistelbauer: Visualizing the Placental Energy State in Vivo</i>	268
-----	---	-----

Postersession 4

P36	<i>Weilin Fu, Lennart Husvagt, Stefan Ploner, James G. Fujimoto, Andreas Maier: Modularization of Deep Networks Allows Cross-Modality Reuse: Lesson Learnt</i>	274
P37	<i>Duc Duy Pham, Melanie Lausen, Gurbandurdy Dolev, Sebastian Serong, Stefan Landgraeber, Marcus Jäger, Josef Pauli: U-Net in Constraint Few-Shot Settings: Enforcing Few-Sample-Fitting for Faster Convergence of U-Net for Femur Segmentation in X-Ray</i>	280
P38	<i>Hristina Uzunova, Jan Ehrhardt, Fabian Jacob, Alex Frydrychowicz, Heinz Handels: Abstract: Multi-Scale GANs for Memory-Efficient Generation of High Resolution Medical Images</i>	286
P39	<i>Sebastian Gündel, Andreas Maier: Epoch-Wise Label Attacks for Robustness Against Label Noise: Chest X-Ray Tuberculosis Classification with Corrupted Labels</i>	287
P40	<i>Christof A. Bertram, Marc Aubreville, Christian Marzahl, Andreas Maier, Robert Klopffleisch: Abstract: Large-Scale Histological Dataset of Mitotic Figures</i>	293
P41	<i>Ron Keuth, Lasse Hansen, Mattias P. Heinrich: Der Einfluss von Segmentierung auf die Genauigkeit eines CNN-Klassifikators zur Mimik-Steuerung</i>	294
P42	<i>Siming Bayer, Xia Zhong, Weilin Fu, Nishant Ravikumar, Andreas Maier: Imitation Learning Network for Fundus Image Registration Using a Divide-And-Conquer Approach</i>	301
P43	<i>Martin Dyrba, Arjun H. Pallath, Eman N. Marzban: Comparison of CNN Visualization Methods to Aid Model Interpretability for Detecting Alzheimer's Disease</i>	307

P44	<i>Weilin Fu, Katharina Breininger, Roman Schaffert, Nishant Ravikumar, Andreas Maier</i> : Abstract: Divide-And-Conquer Approach Towards Understanding Deep Networks	313
P45	<i>Sonja Jäckle, Tim Eixmann, Hinnerk Schulz-Hildebrandt, Gereon Hüttmann, Torben Pätz</i> : Abstract: Fiber Optical Shape Sensing of Flexible Instruments	314
P46	<i>Daniel Bug, Felix Bartsch, Nadine Sarah Schaadt, Mathias Wien, Friedrich Feuerhake, Julia Schüler, Eva Oswald, Dorit Merhof</i> : Scalable HEVC for Histological Whole-Slide Image Compression	315
P47	<i>Daniel Bug, Gregor Nickel, Anne Grote, Friedrich Feuerhake, Eva Oswald, Julia Schüler, Dorit Merhof</i> : Image Quilting for Histological Image Synthesis	321

Software-Demo

S1	<i>A. M. Franz, B. J. Mittmann, J. Röser, B. Schmidberger, M. Meinke, P. L. Pereira, H. U. Kauczor, G. M. Richter, C. M. Sommer</i> : Open-Source Tool for Automated Planning of Overlapping Ablation Zones: For Percutaneous Renal Tumor Treatment	327
----	---	-----

Session 7: Trainings- und Planungstools

V26	<i>Christoph Luckner, Magdalena Herbst, Michael Fuhrmann, Ludwig Ritschl, Steffen Kappler, Andreas Maier</i> : Combining 2-D and 3-D Weight-Bearing X-Ray Images: Application to Preoperative Implant Planning in the Knee	334
V27	<i>Sandy Engelhardt, Lalith Sharan, Matthias Karck, Raffaele De Simone, Ivo Wolf</i> : Abstract: Generative Adversarial Networks for Stereoscopic Hyperrealism in Surgical Training	340

V28 *Thomas Eixelberger, Jonas Parchent, Rolf Janka, Marc Stamminger, Michael Döllinger, Thomas Wittenberg: Haptic Rendering of Soft-Tissue for Training Surgical Procedures at the Larynx* 341

Autorenverzeichnis **348**



Inter-Species, Inter-Tissue Domain Adaptation for Mitotic Figure Assessment Learning New Tricks from Old Dogs

Marc Aubreville¹, Christof A. Bertram², Samir Jabari³, Christian Marzahl¹,
Robert Klopffleisch², Andreas Maier¹

¹Pattern Recognition Lab, Computer Sciences, Friedrich-Alexander-Universität
Erlangen-Nürnberg, Erlangen, Germany

²Institute of Veterinary Pathology, Freie Universität Berlin, Germany

³Institute of Neuropathology, Friedrich-Alexander-Universität Erlangen-Nürnberg,
Erlangen, Germany

`marc.aubreville@fau.de`

Abstract. For histopathological tumor assessment, the count of mitotic figures per area is an important part of prognostication. Algorithmic approaches - such as for mitotic figure identification - have significantly improved in recent times, potentially allowing for computer-augmented or fully automatic screening systems in the future. This trend is further supported by whole slide scanning microscopes becoming available in many pathology labs and could soon become a standard imaging tool. For an application in broader fields of such algorithms, the availability of mitotic figure data sets of sufficient size for the respective tissue type and species is an important precondition, that is, however, rarely met. While algorithmic performance climbed steadily for e.g. human mammary carcinoma, thanks to several challenges held in the field, for many tumor types, data sets are not available. In this work, we assess domain transfer of mitotic figure recognition using domain adversarial training on four data sets, two from dogs and two from humans. We were able to show that domain adversarial training considerably improves accuracy when applying mitotic figure classification learned from the canine on the human data sets (up to +12.8% in accuracy) and is thus a helpful method to transfer knowledge from existing data sets to new tissue types and species.

1 Introduction

Mitotic figures, i.e. cells undergoing cell division, are an important marker for tumor proliferation and their density is used in many tumor grading schemes for prognostication [1]. Fostered by the availability of datasets, this field has seen significant algorithmic advances in the very recent past. Especially in the field of human mammary carcinoma, one of the most common tumors in women, data

sets like MITOS [2] were able to include a great deal of variance that are typical in pathology. Since mitosis is a multi-phase process, the visual variability of its appearance in microscopy images is high. Besides this, there is a number of other factors that increase variance: staining is a manual or semi-automated process, and such is the preparation of the tissue sections to put on the microscopy slide. Another source of variance is the tissue itself, as especially macroscopic structures are differing considerably between tissue types. On top of that, we can expect differences between humans and other species - however, it could be well debated if, given a significant sources of variability, these would always play a major role.

All these factors cause a domain shift between data sets that is well-known in digital histopathology, and thus machine learning algorithms that have been trained on one data set will rarely directly transfer to another. Two classes of algorithmic adaptations to models are typically used in this regard: First, we can train a model on a large data set in one domain, which will allow to provide the model with a good initialization of its feature space for the next task, which is training the model with a (smaller) set of images in the target domain - typically referred to as *transfer learning*. This, however, requires annotated images in the target domain, which are also not always available to a sufficient amount.

Another approach is domain adaptation, which can also be done unsupervised, i.e. without any annotation and just images available in the target domain. These approaches rely solely on statistical properties of the input distributions, and will only work sufficiently if the derived real labels of the respective known source domain and the (assumed to be unknown) target domain follow the same ruleset. This is especially tricky in the field of mitotic figure detections, where individual thresholds play a significant role and thus the labels are significantly dependent on the expert defining the label.

Recently, Li et al. have shown, that a combination of an object detection network and a refining second stage classifier [3] show superior performance in mitosis detection, which was in line with our own findings [4]. Due to this, it seems interesting to have a first stage identifying mitotic figures, which acts as a coarse classifier and do the fine classification in a secondary stage, where domain adaption is most crucial. Thus, this work focuses on the distinguishing of mitotic figures from similar looking cells (hard negatives), which would be the task of the second stage.

2 Material and methods

In this work, we use four data sets, two from canine histopathology slides and two from human histopathology slides. Our research group recently published a data set of canine cutaneous mast cell tumor (CCMCT, a common tumor in dogs), spanning 32 whole slide images and providing annotation for all mitotic figures on the complete slides [4]. For this work, we have generated additionally a data set of canine mammary carcinoma (CMC) which includes 22 tumors also completely annotated blindly by two expert pathologists and with consensus found

Table 1. Comparison of the data sets used in this study. CMC and HUMMEN are unpublished (CMCT=cutaneous mast cell tumor; MC=mammary carcinoma; MF=mitotic figures; MFL=mitotic figures look-alikes; ME=meningioma)

data set name	species	tumor	cases	MF	MFL	annotations
CCMCT [4]	dog	CMCT	32	44,880	27,965	complete WSI
CMC	dog	MC	22	13,385	26,585	complete WSI
MITOS 2014 [2]	human	MC	11	749	2,884	selected area
HUMMEN	human	ME	3	782	1,721	complete WSI

for all disagreed cells using an open source solution [5]. As for human tissue, we set up a pilot data set of human meningioma (HUMMEN) consisting of three whole slide images from WHO grades I, II and III. All tissue was sampled for routine diagnostics and, where applicable, institutional review board approval and written consent was given (IRB approval number hidden for review). Additionally, we used the publicly available MITOS2014 data set [2], which contains mitotic figure annotations on human mammary tissue. All four data sets have in common that they contain not only true mitotic figure annotations, but also annotations that can easily be misinterpreted by either an algorithm or a human, but were in final consensus of all experts not found to be mitotic figures. These can be considered truly hard negative, and thus the differentiation between this group and the group of mitotic figures is one of the hardest tasks in mitotic figure detection. As Fig. 1 shows, the domain shift between the data sets can be nicely be spotted in a t-SNE representation, while the cell label is not easily distinguishable.

Domain-adversarial training [6] is an unsupervised network adaptation method, recently also employed in the field of histopathology [7]. It aims

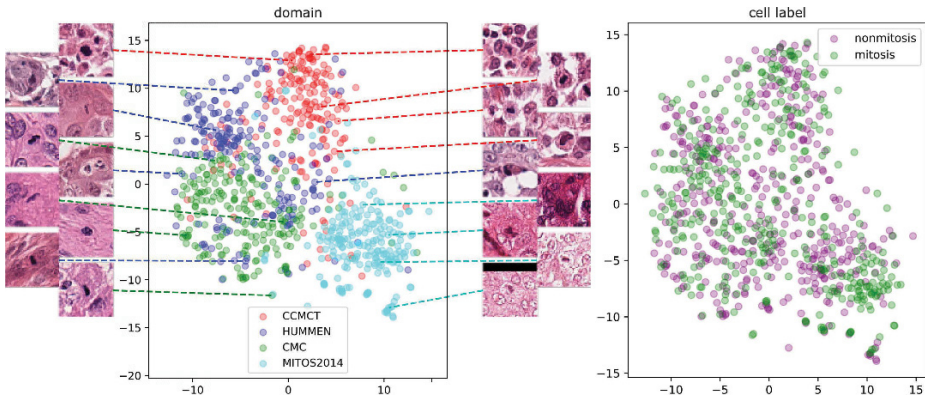
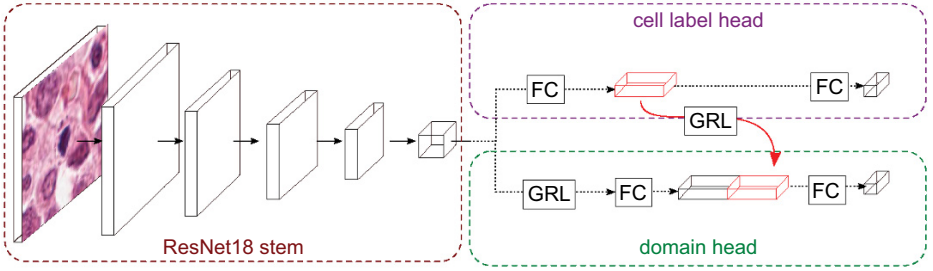


Fig. 1. T-SNE representation of the various domains and classes in our data set, features extracted from a ResNet-18 stem, trained on ImageNet. Human data sets are from mammary carcinoma (MITOS2014) and meningioma (HUMMEN), canine data sets are from cutaneous mast cell tumor (CCMCT) and mammary carcinoma (CMC).

Fig. 2. Domain adversarial training of our network.

to account for a domain shift in latent space that is known to occur between slides of the same data set, but also, and more severely, between data sets. The core idea is to train a model with a body and two heads, where one head aims to perform classification of the cell class, and the other would aim for the classification of the domain. The latter inherently uses said domain shift to differentiate between data sets, however, it is this domain shift that we want to reduce.

Ganin et al. proposed to use gradient reversal during network training for this task [6]. The gradient reversal layer introduced by them acts as a pure forwarding layer during inference, but inverts the sign of all gradients during back-propagation. We aim to use the method to make the latent space representations for cell classification indistinguishable between source and target domain, and thus improve classification for the target domain in an unsupervised way. Using squared input images of 128px size with the respective cell at its center, we employed a state-of-the-art network stem (ResNet-18 [8]) for the main feature extraction. After flattening the feature vector, we have two linear (fully connected) layers each with batch-norm and ReLU activation after the first layer as the cell label head (Fig. 2). The secondary domain classification head starts with a gradient reversal layer (GRL) and another fully connected layer with batch normalization. Afterwards, we concatenate the intermediate features of the classification head into the secondary branch, to also be able to reduce domain shift in this layer (as proposed by Kamnitsas et al. [9]).

2.1 Training

For training, we feed all images, and suppress the cell label information (mitosis/nonmitosis) in the loss function for samples of the target domain. We did not use a validation set for model selection, as a train/val/test split on patient level for that purpose is questionable as the domain shift will likely be also high within the data set. We chose an even distribution of cell labels and domains for both, the training and the test set.

We denote the output probability of the cell classification branch and the domain classification branch p_C and p_D , respectively. The true cell class and domain are denoted as y_C and y_D , respectively. We derive the domain classification loss as simple cross-entropy loss

$$L_D(y_D, p_D) = \begin{cases} -\log(p_D) & \text{if } y_D = 1 \\ -\log(1 - p_D) & \text{otherwise} \end{cases} \quad (1)$$

With $y_D = 1$ representing the target domain, the cell classification loss is

$$L_C(y_C, p_C, y_D) = \begin{cases} -\log(p_D) & \text{if } y_C = 1 \text{ and } y_D = 0 \\ -\log(1 - p_D) & \text{if } y_C = 0 \text{ and } y_D = 0 \\ 0 & \text{otherwise} \end{cases} \quad (2)$$

The total loss is a normalized weighted sum of both, i.e. with uppercase symbols denoting the respective mini batch vectors

$$L = \frac{\gamma}{\sum_i (1 - Y_{D,i})} \sum_i L_C(Y_{C,i}, P_{C,i}, Y_{D,i}) + \sum_i L_D(y_D, p_D) \quad (3)$$

where γ is a tunable parameter. We trained for 3x30 epochs using super-convergence [10] and Adam as optimizer. For better comparability, we limited the number of cells for the large data sets to 1,600.

3 Results

Domain transfer raised the mean accuracy over 5 runs on the HUMMEN data set by 4.7 percentage points, on the MITOS2014 data set by 12.8 percentage points and in total by 6.5 percentage points (Fig. 3) compared to the baseline (i.e., without domain-adaptation). This improvement can largely be attributed

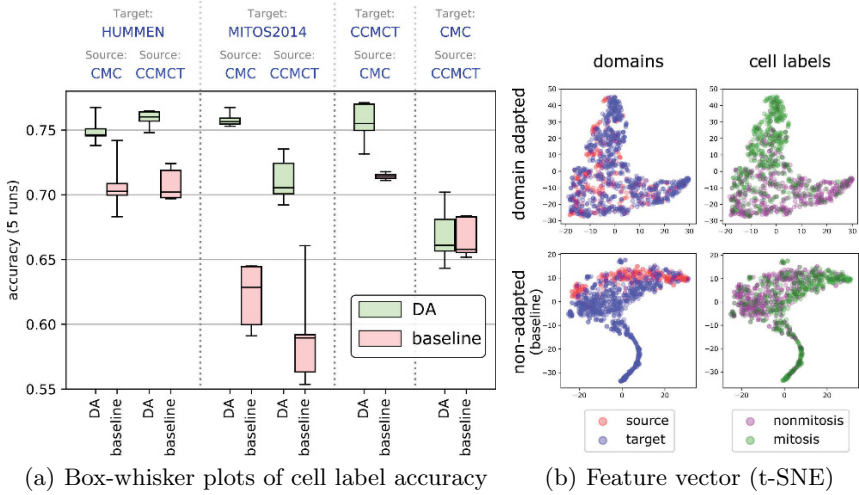


Fig. 3. Results of domain transfer. Plot a) shows accuracy for 5 runs on the different domain transfer tasks, whereas b) shows an example ResNet-18-feature vector with and without domain transfer (CCMCT to MITOS2014 task).

to a reduced domain shift in latent space (Fig. 3(b)). The performance varied both for the domain-adapted and the non-adapted case, and was especially large, where the original domain shift was most severe (MITOS2014 target data set). In this case, we achieved the best results when training on the same tissue type for a different species (CMC).

4 Discussion

Our results indicate that domain adversarial training is a suitable unsupervised learning method to perform mitotic figure domain adaptation between tissue and, equally importantly, also species. This is especially beneficial as publicly available, large datasets can be used for new domains - regardless of tissue/tumor type or species (animal or human). Further, we find a clear dependency on source and target data set, which is not surprising considering the initial latent space distributions. While the results showed clear benefits for the given task, we should point out our method needs access to pre-selected mitotic figures candidates, which we extracted beforehand. This step could, however, be taken over by generalizing model that was trained on a broad range of tissue, which we aim to investigate in future research.

Acknowledgement. CAB gratefully acknowledges financial support received from the Dres. Jutta & Georg Bruns-Stiftung für innovative Veterinärmedizin.

References

1. Elston CW, Ellis IO. Pathological prognostic factors in breast cancer. I. The value of histological grade in breast cancer: experience from a large study with long-term follow-up. *Histopathology*. 1991;19(5):403–410.
2. Roux, L, Racocanu, D, Capron, F, et al. MITOS & ATYPIA - Detection of mitosis and evaluation of nuclear atypia score in breast cancer histological images. IPAL, Agency Sci, Technol Res Inst Infocom Res, Singapore, Tech Rep. 2014;.
3. Li C, Wang X, Liu W, et al. DeepMitosis: Mitosis detection via deep detection, verification and segmentation networks. *Med Image Anal*. 2018;45:121–133.
4. Bertram CA, Aubreville M, Marzahl C, et al. A large-scale dataset for mitotic figure assessment on whole slide images of canine cutaneous mast cell tumor. *Sci Data*. 2019;274:1–9.
5. Aubreville M, Bertram C, Klopffleisch R, et al. SlideRunner. *Procs BVM*. 2018; p. 309–314.
6. Ganin Y, Ustinova E, Ajakan H, et al. Domain-adversarial training of neural networks. *J Mach Learn Res*. 2016;.
7. Lafarge MW, Pluim JP, Eppenhof KA, et al. Domain-adversarial neural networks to address the appearance variability of histopathology images. In: *Deep Learning in Medical Image Analysis and Multimodal Learning for Clinical Decision Support*. Springer; 2017. p. 83–91.
8. He K, Zhang X, Ren S, et al. Deep residual learning for image recognition. *Procs CVPR*. 2016; p. 770–778.