

# Spektrale Analyse von malignem und gesundem Gewebe basierend auf hyperspektralen Bilddaten

Andrea Rüdinger\*, Veronika Bahlinger\*\*, Annika Rohner\*\*\*, Anette Staebler\*\*, Tobias Haist\*, Sara Y. Brucker\*\*\*, Falco Fend\*\*, Stephan Reichelt\*

\**Institut für Technische Optik, Universität Stuttgart*

\*\**Institut für Pathologie und Neuropathologie, Universitätsklinikum Tübingen*

\*\*\**Department für Frauengesundheit, Universitätsklinikum Tübingen*

*mailto:andrea.ruedinger@ito.uni-stuttgart.de*

Es wurde ein hyperspektraler Messaufbau entwickelt, anhand dessen die Spektren von gesundem und malignem Gewebe an ex vivo Gewebeproben vermessen werden. Erste qualitative Analysen zeigen vielversprechende spektrale Unterschiede, wodurch eine Gewebeklassifikation ermöglicht wird.

## 1 Einleitung

Brustkrebs ist eine der häufigsten Krebserkrankungen bei Frauen weltweit. Zu den meist angewandten Therapiemethoden gehört die operative Entfernung des Tumors, wobei die Kenntnis über die Tumorränder maßgeblich ist. Um bei operativen Eingriffen besser zwischen gesundem und malignem Gewebe differenzieren zu können, wird im Graduiertenkolleg 2543 „Intraoperative multisensorische Gewebedifferenzierung in der Onkologie“ unter anderem an neuartigen Sensorkonzepten geforscht, um so bei der Entfernung der Tumore zu unterstützen.

Eines dieser Sensorkonzepte beschäftigt sich mit der spektralen Information der verschiedenen Gewebetypen. Dabei soll anhand von wenigen aber möglicherweise komplexen spektralen Signalen im sichtbaren bis nahinfraroten Spektralbereich (450 – 1450 nm) verändertes Gewebe erkannt werden.

Anhand der gemessenen Spektraldaten wurden erste quantitative Analysen durchgeführt, wodurch eine Gewebeklassifikation in diesem Spektralbereich gezeigt werden konnte.

## 2 Hyperspektrales Messsystem

Bei dem hier verwendeten Messsystem handelt es sich um einen spektral scannenden Hyperspektralaufbau. Dabei wird das Spektrum einer Weißlichtquelle (Thorlabs OSL2IR) zwischen 450 - 1450 nm mittels eines Monochromators in 101 Spektralkanäle zu je etwa 10 nm Halbwertsbreite aufgespalten und die Objektoberfläche anhand eines Fan-out-Fiberbündels (Thorlabs OSL2FB) beleuchtet. Das zu detektierende Objektfeld hat eine Größe von 15 x 15 mm<sup>2</sup> und kann mit einer räumlichen Auflösung von 22 µm für die VIS- (Ximea, MQ013MG-E2) und 56 µm für die SWIR-Kamera (Raptor Photonics, Ninox 640 SU) aufgenommen werden [1].

Der hyperspektrale Rohdatenwürfel ergibt sich aus den jeweils für den Objektstand und die Belichtungszeit angepassten Einzelaufnahmen der

einzelnen Spektralkanäle. Nach einer Korrektur der Belichtungszeit, der Hintergrundhelligkeit, der Kamerasensitivitäten, einer pixelweisen Min-Max Normierung entlang der spektralen Achse, sowie einer Mittelung über fünf Wiederholungsmessungen, kann das Spektrum der Gewebe pixelweise ausgelesen werden.

## 3 Patientenstudie an der UFK Tübingen

Die im Folgenden vorgestellten Messergebnisse beziehen sich auf Messungen an der Universitätsfrauenklinik Tübingen im Zeitraum von November 2024 bis April 2025 (Ethikantrag: UKT IRB# 440/2023/BO2). Die Studie umfasst insgesamt 19 Patienten, im Alter von 37 - 89 Jahren, mit der klinischen Diagnose *Ductal Carcinoma in Situ* (DCIS), cT1 und cT2 Brusttumor. Elf der Patienten erhielten zudem eine neoadjuvante Chemo-, Hormon- oder Antikörpertherapie. Für jeden Patient wurde eine Messung an Normal- und vermeintlichem Tumorgewebe durchgeführt.

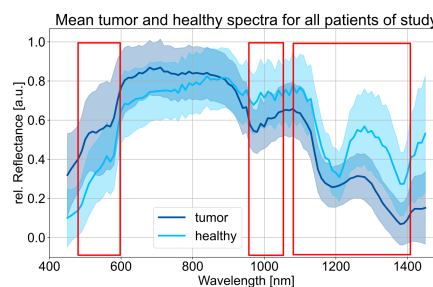


Fig. 1 Mittleres Tumor- und Normalgewebespektrum.

## 4 Spektrale Analyse

Um die mittleren Spektren von gesundem und malignem Gewebe zu ermitteln, wurden für jede Messung Bildbereiche (ROIs, engl. region of interest) ausgewählt, bei denen das Gewebe pathologisch bestätigt wurde. Die Mittelwertspektren sowie die

zugehörigen Standardabweichungen sind in Abb. 1 dargestellt. Dabei ist erkennbar, dass trotz der Patientenvielfalt im Datensatz Spektralbereiche identifizierbar sind, die sich qualitativ für beide Gewebeararten in Absolutwert, Steigung und Krümmung unterscheiden (rote Umrandung).

#### 4.1 Klassifikation

Zur quantitativen Analyse werden die Daten der ROIs mittels einer Support Vector Machine (SVM, scikit-learn [2]) mit radialer Basisfunktion und Standardparametern klassifiziert. Dazu werden die Patienten in eine Trainings- und Validierungsgruppe aufgeteilt, wobei besonders auf die Diversität hinsichtlich der klinischen Diagnose geachtet wurde. Die Datenverteilung innerhalb beider Gruppen ist in Tab. 1 ersichtlich. Das Klassifikationsergebnis liegt bei einer Genauigkeit von 83% und einem F1-Score von 86%.

Aufteilung	Training	Test
Patienten	15	4
Spektrn gesamt	70%	30%
Tumor	53%	52%
Normal	47%	48%

Tab. 1 Verteilung Trainings- und Testdatensatz.

Im zweiten Schritt wird der Klassifikator auf alle Pixel einer Messung aus der Validierungsgruppe angewendet. Somit kann pixelweise der Gewebetyp vorhergesagt werden, siehe Abb. 2. Dabei liegt die Klassifikationsgenauigkeit bei 82% und einem F1-Score von 78%.

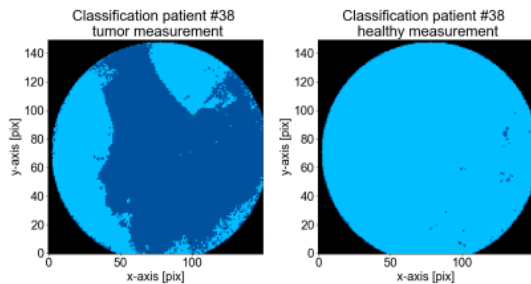


Fig. 2 Klassifizierte Messaufnahmen von Patient #38. Dunkelblau: Tumorgewebe, hellblau: Normalgewebe.

Um die Ergebnisse besser bewerten zu können, sind die klassifizierte Bilder in Abb. 3 mit den histologischen Schnitten der Pathologie überlagert. Für die Normalgewebemessung konnten fast alle Pixel korrekt als Normalgewebe klassifiziert werden. Die fälschlicherweise als Tumor klassifizierte Pixel konnten auf Reflexionen zurückgeführt werden. Bei der Tumormessung weist der durch die Klassifikation als Tumor erkannte Bereich eine hohe Übereinstimmung zu den histologischen Daten auf. Abweichungen der beiden Bereiche (rechts und unten) können dabei aus einem Verzug des Gewebes aufgrund des notwendigen pathologischen Einbettungsprozesses oder durch die Betrachtung unterschiedlicher Ebe-

nen im Gewebe resultieren, da bei der hyperspektralen Messung die Gewebeoberfläche betrachtet wird, wohingegen die histologischen Schnitte aus einer tieferen Gewebeschicht entnommen werden.

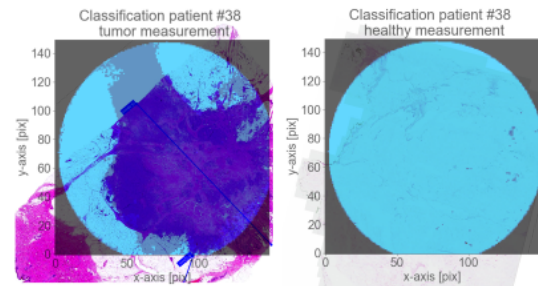


Fig. 3 Überlagerung der histologischen Schnittbilder mit den klassifizierten Messaufnahmen von Patient #38.

#### 5 Fazit und Ausblick

Es konnte gezeigt werden, dass die gemessenen Gewebespektren eine Unterscheidung von malignem und gesundem Gewebe ermöglichen. Die spektralen Unterschiede sind zudem zwischen den Patienten übertragbar, wodurch eine Gewebedifferenzierung für weitere Patienten denkbar ist. Erste Klassifikationsergebnisse mittels SVM konnten dies bestätigen. Zusätzlich konnte gezeigt werden, dass die klassifizierte Messaufnahmen eine hohe Übereinstimmung mit den histologischen Schnitten aufweisen und somit eine Erkennung der Tumorgrenzen möglich ist.

Im weiteren Verlauf soll zum einen die Robustheit der Klassifikation hinsichtlich Reflexionen verbessert und zum anderen weitere Tumorentitäten miteinbezogen werden. Ebenso soll eine Miniaturisierung des Sensorkonzepts erarbeitet werden.

#### 6 Förderung

Die Arbeiten, die in diesem Artikel beschrieben werden, entstanden im Rahmen der Tätigkeiten im Graduiertenkolleg 2543/2 „Intraoperative Multisensorische Gewebedifferenzierung in der Onkologie“ (project ID 40947457), gefördert von der Deutschen Forschungsgemeinschaft (DFG).

#### Referenzen

- [1] A. Rüdinger, T. Haist, and S. Reichelt, "Hyperspectral measurement system for characterization of healthy and malignant tissue spectra," in *DGAO Proceedings*, P19 (2024). URL <https://www.dgao-proceedings.de/>.
- [2] F. Pedregosa, G. Varoquaux, A. Gramfort, V. Michel, B. Thirion, O. Grisel, M. Blondel, P. Prettenhofer, R. Weiss, V. Dubourg, J. Vanderplas, A. Passos, D. Cournapeau, M. Brucher, M. Perrot, and E. Duchesnay, "Scikit-learn: Machine Learning in Python," *Journal of Machine Learning Research* **12**, 2825–2830 (2011).