

Erfassung, Analyse und Visualisierung von 3D-Strukturdaten am Beispiel von Sehsystemen

Martin Heß, Petra C Koch

BioZentrum der LMU München, Großhaderner Str. 2, 82152 Planegg, Deutschland
(hess@bio.lmu.de)

Nachdem morphologische Forschungsansätze gegenüber molekularbiologisch-genetischen ins Hintertreffen zu geraten drohten, erlebt die Morphologie nun dank modernster computer-gestützter Methoden zur mehrdimensionalen Struktur-erfassung, -analyse und -visualisierung einen rapiden Aufschwung. Biologische Strukturen werden in der digitalen Welt abgebildet und dort in Form von Pixeln, Voxeln o.ä. (= Tabellenwerten) konserviert. In Abhängigkeit von Objektgröße, Präparation, Fragestellung und Methodenverfügbarkeit unterscheiden sich die digitalen Datensätze in Ausdehnung, Auflösung, Kontrast, Positionsgenauigkeit und Dimensionalität – die Herausforderung für den Morphologen ist es den Informationsgehalt der Daten (aus)zu nutzen und ggf. mehrere Datensätze des gleichen oder eines vergleichbaren Objektes in geeigneter Weise zu kombinieren.

Um einem Verständnis der Funktion, Adaptation und Evolution von Sehsystemen im Tierreich aus morphologischer Perspektive näher zu kommen, untersuchen wir die Augen und nachgeschaltete neuronale Strukturen ausgewählter Arten von Knochenfischen, Cephalopoden, Muscheln und Arthropoden, z.B. auch im Hinblick auf die spezifische Wahrnehmung polarisierten Lichtes. Die 3D-Struktur-erfassung dieser komplexen Systeme erfolgt auf verschiedenen Größenskalen (Organismus, Organ, Gewebe, Zelle, Synapse) und in verschiedenen Koordinatensystemen (z.B. Kopf, Auge, Netzhaut) mittels μ MRT, μ CT, mechanischer (LM, TEM) und optischer Schnittserien (CLSM, 2PM), FIB-REM und REM. Die Einbeziehung von Entwicklungsstadien und der Artenvergleich fügen weitere Dimensionen hinzu. Für die Bilddatenaufbereitung, die morphometrische Analyse und interaktive Visualisierung kommen v. a. Photoshop, ImageJ/Fiji, Amira, IDL und Deep Exploration zum Einsatz. Wesentliche Schritte sind dabei Kontrastoptimierung, Deconvolution, Alignment, digitales „reslicing“, Segmentierung, surface-rendering und Animationen sowie Volumetrie, Zellklassifikation/-zählung, 2D/3D-Kartierung und Korrelation von Zelldichten, 3D-Winkelmessungen und die Ermittlung neuronaler Verschaltungsregeln.

Am Beispiel des Sehsystems der Europäischen Sardelle *Engraulis encrasicolus* lassen sich die Möglichkeiten moderner Morphologie/Morphometrie wie folgt darstellen: 1. μ MRT-Daten des Fischkopfes erlauben die Ermittlung der monokularen Sehräume und des binokularen Überschneidungsbereichs, 2. Vibratonschnittserien + Fluoreszenzmikroskopie enthüllen

retino-cerebrale Projektionen nach DiI-Tracing, sowie 3D-Zellkernmuster und Neuronenmorphologien in der Retina, 3. Semidünnschnittserien erlauben die Analyse der Augenhistologie, Retinaschichtung und bestimmter Musterkorrelation auf lichtmikroskopischem Niveau, während 4. die TEM-basierte 3D-Rekonstruktion plexiformer Schichten Aussagen zu synaptischen Verschaltungsregeln (u.a. zelltypspezifische Konnektivität, Verschaltungsgeometrie) erlaubt und damit das Verständnis zu parallelen Wegen der Informationsverarbeitung in der Netzhaut erweitert.

Zukünftige methodenorientierte Arbeiten in diesem Bereich werden darauf abzielen eine feinere Zelldifferenzierung in der Netzhaut zu erreichen, Messungen großer Probenvolumina bei hoher Auflösung (zumindest teilweise) zu automatisieren, in großen Datenvolumina bequem zu navigieren und Daten unterschiedlicher Messungen und Koordinatensysteme zusammenzuführen, halbautomatische probenspezifische Segmentierungsalgorithmen zu finden, die elastische Alignment verzerter (TEM)Schnitte zu optimieren und die Publikation interaktiv manipulierbarer nD-Modelle zu fördern.