

用于 FIB-SEM 的 Amira 软件 面向 FIB-SEM 数据集的 AI 分割与图像分析

Thermo Scientific™ Amira™ 软件通过基于 AI 的分割、高级可视化和形态计量分析，支持完成 FIB-SEM 成像工作流程，将大型、复杂的三维 FIB-SEM 图像堆叠转化为定量生物学洞察。

Amira 软件通过将高分辨率成像与强大的图像分析和定量解读相结合，帮助研究人员充分发挥 FIB-SEM 仪器的价值。

从数据采集到洞察：端到端的 FIB-SEM 工作流程

先进的 FIB-SEM 仪器能够在室温和低温条件下，在较大样品体积中保持超微结构的同时，生成高分辨率、信息丰富的三维数据集。这些功能生成了庞大的、复杂的图像堆叠，分析起来颇具挑战性。与此同时，该领域正从对少量样本的定性研究转向利用 AI 对大规模样本量进行定量分析，并进行统计评估。

要满足这些需求，就需要具备集成功能的软件解决方案，以实现高效且可靠的数据解读。Amira 软件通过提供图像增强、三维可视化、基于 AI 的对象识别以及尺寸、形状和空间分布的定量分析等工具，支持下游工作流程，从而能够在各种生命科学应用中实现从数据采集到生物学洞察的无缝衔接

主要功能

能够将庞大的 3D FIB-SEM 数据集转化为定量的生物学见解

利用专为电子显微镜设计的 AI 深度学习，减少手动分割工作量

支持对噪声较大和对比度较低的 FIB-SEM 以及冷冻 FIB-SEM 数据进行分析

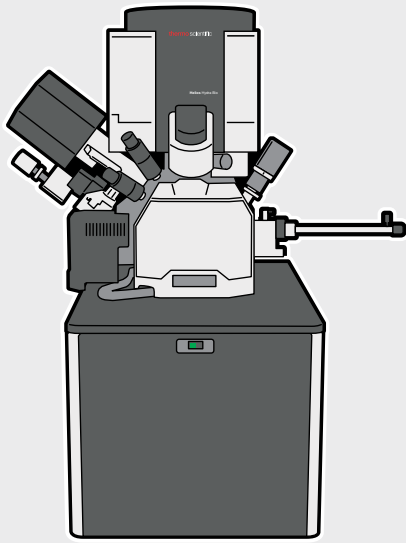
可在大规模数据中提取可靠的且具有统计学意义的形态计量和空间测量结果

涵盖细胞生物学、病毒学、神经科学、植物生物学等多个领域



使用 Hydra Bio Plasma-FIB 对小鼠脑组织成像。数据由乔治·华盛顿大学的 Anastas Popratiloff 博士提供。

使用赛默飞世尔科技的电子显微镜进行图像采集



Hydra Bio Plasma-FIB
Helios Hydra 5+ PFIB-SEM
Aquilos 2 Cryo-FIB
Scios 3 FIB-SEM



Amira 软件中的图像处理工作流程



数据导入
导入并整理数据



预处理
准备并整理数据



可视化
有效展示数据



分割
识别并分离目标对象



量化分析
提取并测量结构



动画
生成动画展示

Amira 软件如何将原始数据转化为可靠且直接用于分析的数据集

原始的 FIB-SEM 数据集能提供极其清晰的结构细节, 使我们能够在纳米级分辨率下研究生物结构。然而, 诸如机械漂移、噪声、剪切变形和伪影等成像缺陷会降低图像质量, 从而限制了精确分析。

因此, 图像预处理是工作流程中的关键步骤。系统化的预处理能够提高数据质量, 并为可靠的三维重建、定量分析以及基于 AI 的分割做好准备。

Amira 软件支持电子显微镜 (EM) 图像的预处理

- 精确的图像堆叠对齐和三维配准, 以补偿漂移并有助于确保空间一致性
- 基于创新的 AI 降噪与图像增强, 同时保留精细的超微结构细节
- 用于背景校正和图像伪影去除工具
- 可重复的、基于工作流程的处理方式, 可使不同实验中的数据准备标准化

这些功能共同作用, 帮助研究人员将高分辨率的 FIB-SEM 数据转化为可靠且可直接用于分析的三维数据集, 便于进行可视化、分割和定量解读。

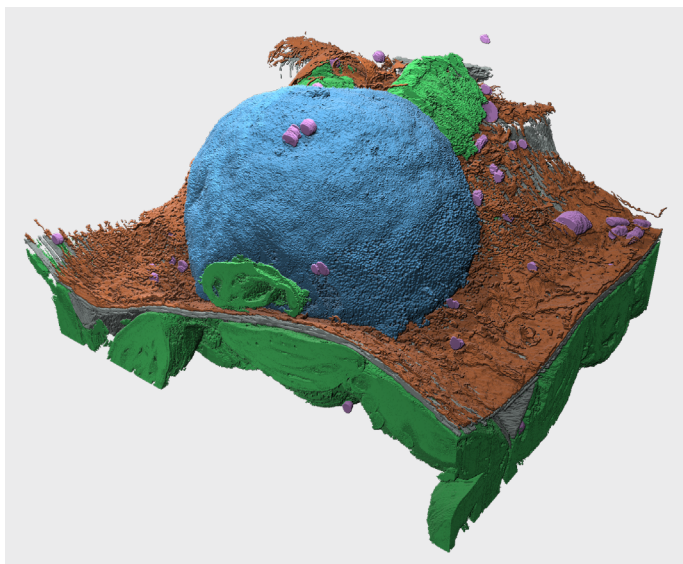
Amira 软件如何将数据分割时间从数周缩短到数小时

细胞生物学家在研究细胞过程及细胞器相互作用时面临两大挑战: 在成像过程中保持细胞的超微结构, 以及从庞大而复杂的数据集中高效地提取有价值的信息。当与赛默飞世尔科技的 FIB-SEM 平台结合使用时, Amira 软件通过先进的 AI 驱动深度学习解决了后者问题。

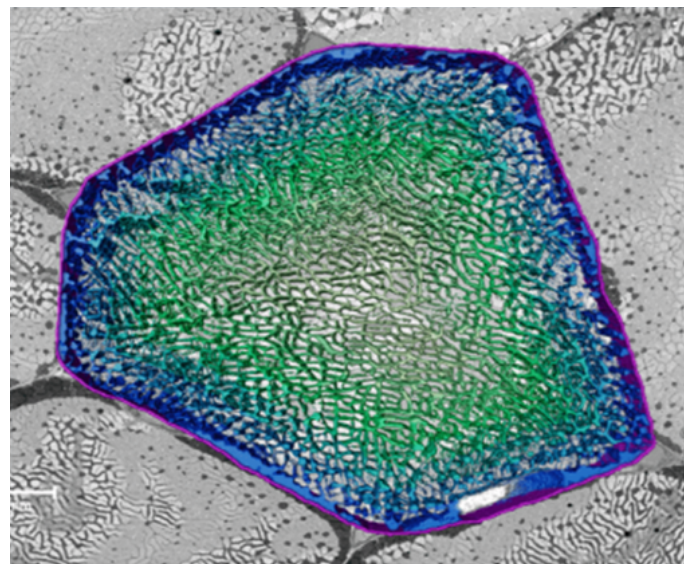
Amira 软件提供:

- 直观、无需编程、操作简单的工作流程, 适用于标注、模型训练和分割
- 可同时对细胞器、膜结构、病毒及其他感兴趣结构进行多类别分割
- 专为电子显微镜图像特性优化的深度学习模型
- 在噪声较大或低对比度数据集 (包括 cryo-FIB-SEM 数据) 上具有出色的性能

只需进行少量的手动标注, 您就能训练 AI 模型在大体积数据中准确识别数十种不同结构, 从而将分析时间从数周大幅缩短至数小时, 同时还能提高结果的可重复性和一致性。



在 Hydra Bio Plasma-FIB 上获取的本氏烟草表皮细胞样品。样品由 Donald Danforth 植物科学中心的 Tessa Burch-Smith、Kirk Czymmek 和 Lolita Rotkina 提供。



使用 SpinMill 技术在 Helios Hydra 5 UX DualBeam 上采集的心肌数据集。数据由 Brian Glancy 及 NHLBI/NIH 电镜核心平台 (EM Core) 提供。

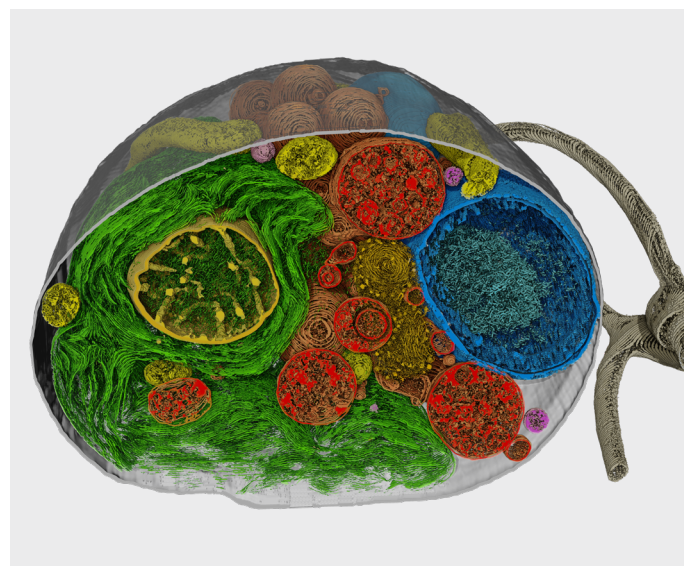
Amira 软件如何从复杂的超微结构中提取定量信息

在完成分割之后，Amira 软件支持全面的三维定量分析。研究人员可以在单个数据集中，对成千上万个对象测量体积、表面积、空间分布以及形态学参数。基于 AI 的分类功能还可以帮助区分同一类对象的不同表型，例如成熟与未成熟的病毒颗粒。

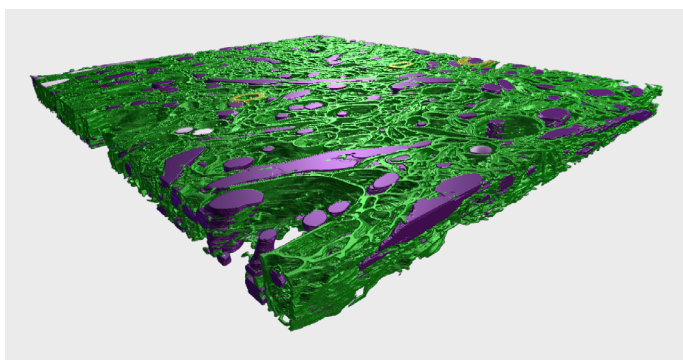
案例包括：

- 颗粒级定量分析，例如对感染细胞内数千个病毒颗粒的空间分布及包膜状态进行分析
- 大体积组织与细胞结构分析，可实现复杂生物结构在扩展区域内的三维重建和形态计量评估
- 在近天然条件下对整个细胞进行定量分析，利用基于 AI 的多类别分割，对 cryo-FIB-SEM 数据集中多种细胞器类型进行测量与表征

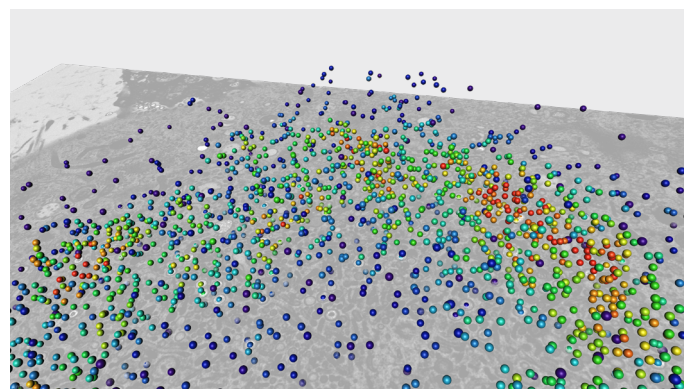
这些功能使科学家能够从以往因数据量过大或过于复杂而难以全面分析的数据集中提取具有统计意义的测量结果。



在低温条件下对整个衣藻成像。通过 AI 深度学习分割功能，识别出各种细胞器。



在 Scios 3 FIB-SEM 上获取的脑组织样品。



被人类巨细胞病毒 (HCMV) 感染的成纤维细胞单层。样品在 Hydra Bio Plasma-FIB 上获取。样品由乌尔姆大学的 Clarissa Read 博士以及乌尔姆大学医院的 Jens von Einem 教授提供。

功能

数据导入与处理

- 支持导入并分析来自电子显微镜、光学显微镜、CT 和 MRI 的 2D 到 5D 数据集
- 支持大规模数据集以及大多数主流显微成像文件格式

滤波与预处理

- 图像对齐、滤波、降噪以及背景校正
- 支持从亚细胞结构到大体积组织的多尺度数据准备
- 基于 AI 的降噪

基于 AI 的分割

- 面向复杂 2D 和 3D 显微数据的 AI 驱动分割
- 仅需少量人工标注的深度学习工作流程
- 对细胞器、膜结构、颗粒及各类生物结构进行多类别分割
- 在噪声较大或低对比度数据集（包括 cryo-FIB-SEM）上具有稳健性能

测量与分析

- 内置 200 多种定量测量指标
- 支持用户自定义测量，以满足特定应用分析需求
- 可大规模提取体积、表面积、周长及纵横比和方向等参数

可视化与展示

- 对体数据集进行高分辨率的 2D 和 3D 可视化
- 支持动画和视频生成，用于结果展示与报告

工作流程自动化与简便性

- 基于设置的自动化工作流程，提高效率 and 可重复性
- 直观的用户界面，适用于初学者和有经验的用户

应用与支持

- 适用于细胞生物学、神经科学、结构生物学、植物科学、制药及生物技术等多个领域
- 提供专业培训、咨询以及定制开发服务

Learn more at thermofisher.com/amira

thermo scientific