

A RULE-BASED PICTURE INTERPRETATION SYSTEM FOR CELL  
TRACKING AND ANALYSIS

F.P. Ferrie and M.D. Levine

*McGill University  
Montreal, Quebec*

ABSTRACT

We present an overview of a project being conducted at the Computer Vision and Graphics Laboratory of McGill University into cell motion analysis. In particular we discuss the representation of moving objects, both on a static basis, and as a sequence of dynamic events. Towards this end, a minimization model for cell motion analysis that we have used in our cell studies is presented.

The particular application of our work is in the morphological and genealogical studies of proliferating cell cultures. In order to successfully cope with the type of behavior exhibited by the cells, two levels of representation must be considered, both modelled by a set of rules which embody the knowledge about the data. The first is a static description based on low level features with which we represent individual cells being tracked. The second is a dynamic one by which the current state of the cell being tracked is inferred from previous behavior. This latter model is necessary in solving the correspondence problem, where a cell might possibly change state during the inter-frame interval.

The two representations are related in a minimization framework for solving the correspondence problem. Such a structure allows the system to track both individual cell morphologies over a sequence of images as well as the morphologies of the offsprings due to mitosis. At present, the research is being extended to include rule-based representations for cell dynamics as well as low level descriptions for phase contrast microscopy.

RÉSUMÉ

Nous présentons les grandes lignes d'un projet en cours d'exécution au Laboratoire de vision et de graphique par ordinateur de l'université McGill consacré à l'analyse du mouvement des cellules. Nous étudions en particulier la représentation des objets en mouvement à la fois sur une base statique et dans une séquence d'événements dynamiques. A cette fin, nous présentons pour l'analyse du mouvement un modèle de minimisation dont nous nous sommes servis dans nos études sur les cellules.

Nos travaux s'appliquent particulièrement aux études morphologiques et généalogiques des cultures cellulaires proliférantes. Pour réussir à déterminer le type de comportement manifesté par les cellules, il faut envisager deux niveaux de représentation, tous deux soumis à une série de règles qui tiennent compte des connaissances sur les données. Le premier consiste en une description statique basée sur les traits de niveau inférieur à l'aide desquels nous représentons les cellules individuelles dont on suit les mouvements. Le deuxième niveau de représentation est d'ordre dynamique et nous permet de déduire l'état actuel de la cellule suivie en nous basant sur son comportement antérieur. Ce dernier modèle est nécessaire pour résoudre le problème de correspondance, lorsqu'une cellule est susceptible de changer d'état pendant l'intervalle qui sépare les cadres.

Les deux représentations sont rapprochées dans le cadre d'une minimisation pour la solution du problème de correspondance. Une structure de ce genre permet au système de suivre aussi bien les morphologies de la cellule individuelle dans une séquence d'images que les morphologies de sa progéniture provoquée par la mitose. A l'heure actuelle, nous étendons la portée de nos recherches pour y inclure des représentations sur la dynamique des cellules ainsi que des descriptions de niveau inférieur pour la microscopie à contraste de phase.