

非剛体位置合わせの全体最適化による 連続組織切片からの3次元復元

船富卓哉^{1,2} 山田重人³ 宇都宮夏子³ 藤村友貴¹ 櫛田貴弘¹ 向川康博¹

¹奈良先端大, ²JSTさきがけ, ³京都大学

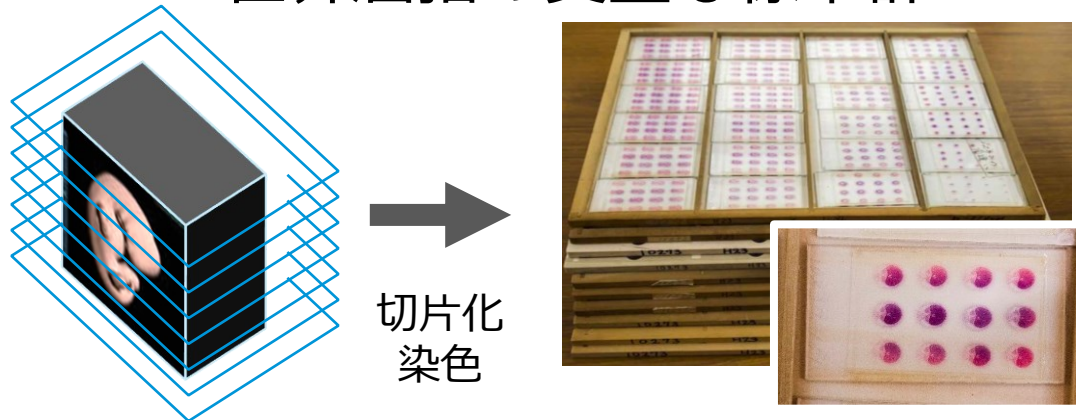
2023/07/26



この研究で取り組んだこと

ヒト胚子の連続組織切片群

約50年前に製作された
世界屈指の貴重な標本群



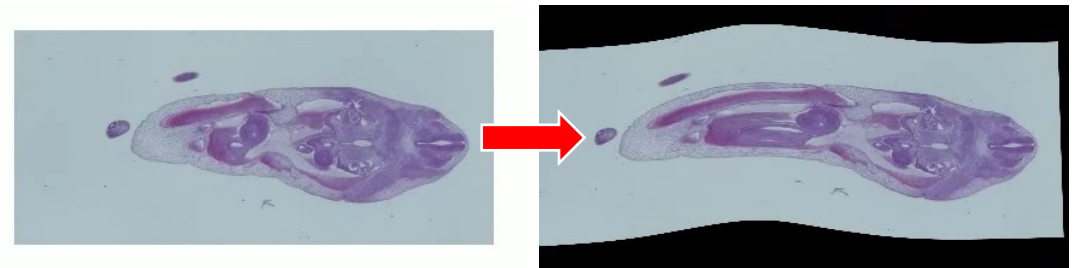
- ✓ 器官や組織の詳細な弁別が容易
- ✗ 3次元的な形態の把握が困難

Goal : 連続切片からの3次元復元

Challenges

- 切片製作時に物理的な歪みが発生
- 1標本から数百枚以上の切片

逐次位置合わせでは変形が蓄積



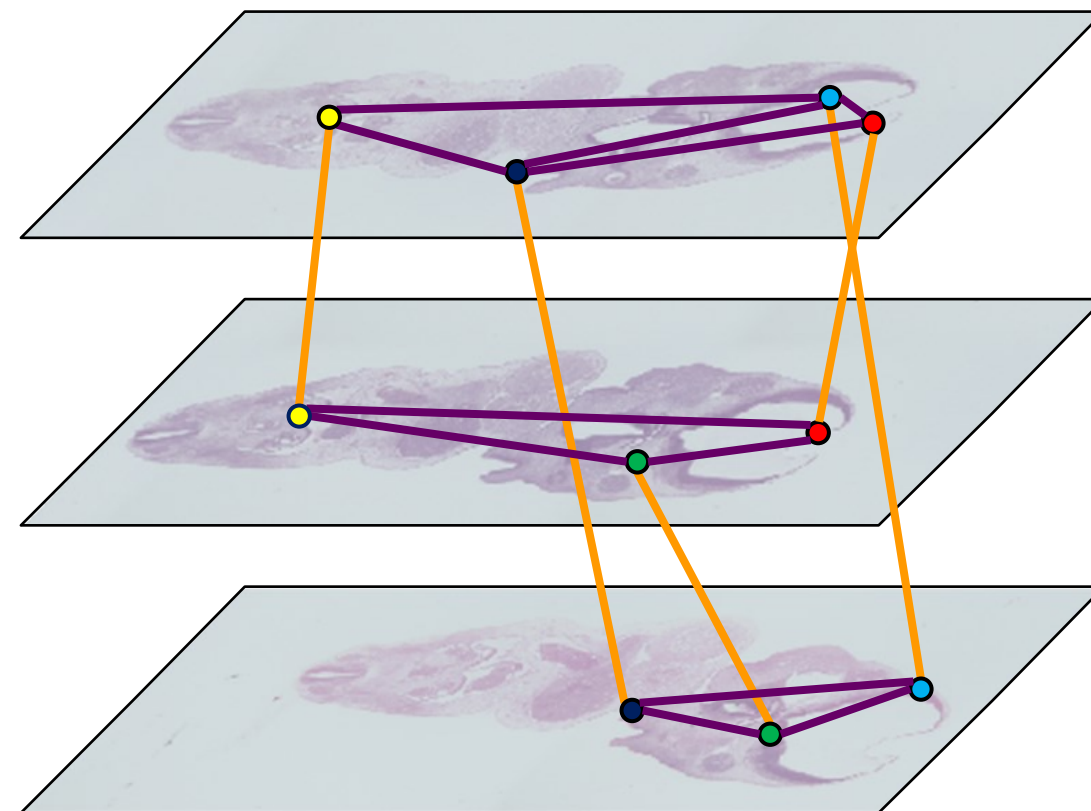
- 位置合わせの基準がない
どの切片も変形している可能性が高い



方針：各画像を少しずつ変形し、全体で整合

研究のポイント

1. 変形を**幾何変換の場**として表現
[MIRU'22]
 - 少数の幾何変換で変形場をモデル化
 - コンパクトな表現でスケール化可能
例) 0.4G pix → 7K node
2. **位置合わせグラフ**を用いた**最適化**
 - **非剛体位置合わせ**について
隣接切片だけでなく**近傍切片も考慮**
 - 各切片での**変形を抑えつつ**、
整合性の取れる位置合わせを実現



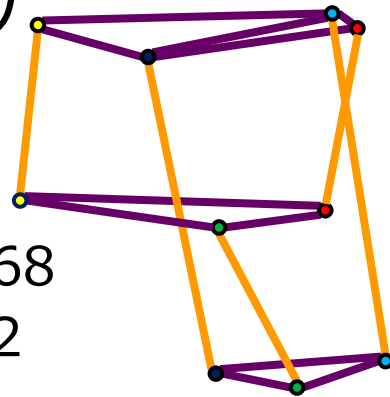
実験結果例

連続切片から構築したグラフ

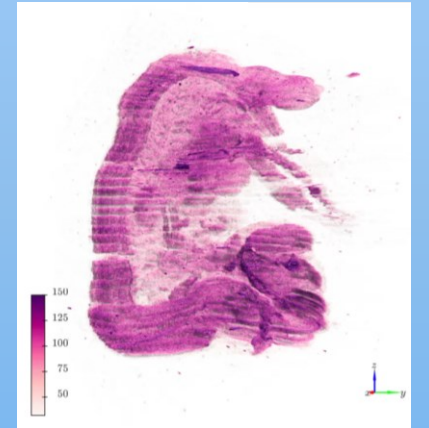
- 切片枚数: 310
- 近傍 4切片と位置合わせ
- 構築されたグラフ

- 7,062 節点
- 58,730 枝
 - 画像間枝: 51,668
 - 画像内枝: 7,062
- 2,410,502 閉路

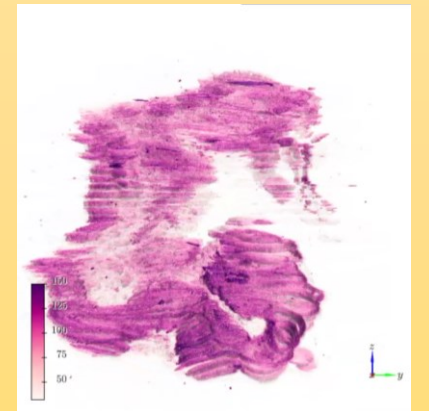
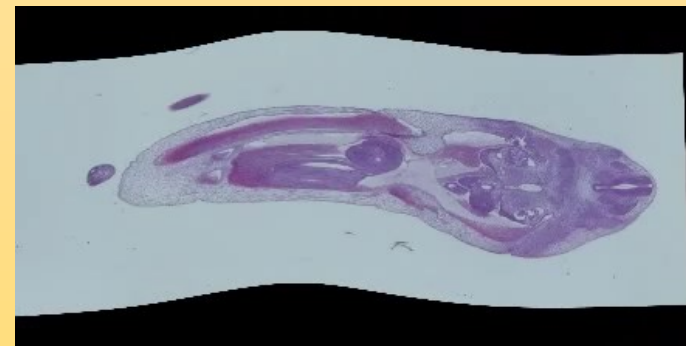
位置合わせの整合性を評価



提案：全体最適化



逐次位置合わせ



グラフ上で最適化

