

テンソル因子化を用いたニューロンイメージの修復

河野 正行^{†1} 大羽 成征^{†1} 石井 信^{†1}

生物を対象とした顕微鏡画像の統計処理では、通常自然画像処理とは異なり、対象となる生物体の対称性や方向性などの特徴を生かす必要がある。本研究では、とくに神経細胞の微細構造決定を目的として、線状構造に沿った画像パッチ因子を得るためのテンソル因子化を工夫した。これにより、線状構造を使わない従来法因子化と異なるタイプのパッチ因子が得られることを示した。また画像のノイズ軽減に応用し、性能の向上を示した。

1. はじめに

風景や人物などの一般自然画像を対象とする場合と違い、特定の生物を対象する画像処理では、対象となる生物が持つ対称性や方向性などのパターンや特徴の利用が重要な鍵を握る。とくに神経細胞は、核を含む細胞体、そしてその細胞体から三次元方向へと広がる樹状突起や軸索によって形成されており、細長い繊維状構造が特徴的である。そこで本研究では、こうした繊維状構造特徴を利用した統計的特徴抽出法を考える。

本発表では、繊維状構造を持つ対象の画像パッチを繊維走行方向に揃えたうえで統計的因子化¹⁾を行い、この基底の性質を調べる。自然画像処理における画像パッチの統計的因子化では、2次元ウェーブレット基底に似た形状の基底が得られることが知られている²⁾が、繊維走行方向を揃えたパッチの因子では異なる形状の基底が得られる。この基底による観測画像の欠損値修復誤差は、繊維走行方向を揃えていないパッチ因子による修復と比べて小さくなった。

2. 行列因子化法によるパッチ修復

対象画像から、 $m \times m$ の矩形パッチをサンプリングし、その各ピクセル輝度を縦ベクトルに並べたものをパッチベクトルと呼ぶ。矩形パッチに基づいて $M = m^2$ 次元の縦ベクトル \mathbf{y} を作り、これをサンプル数 N 個分横に並べて構成した行列 Y をパッチ行列と

呼ぶ。

いま、 M 次元の各パッチベクトル \mathbf{y} を K 個 (ただし $K < M$) の因子の線形和で表現することを考える。

$$\mathbf{y} = \sum_{k=1}^K v_k \mathbf{u}_k + \epsilon$$

ここで \mathbf{u}_k は M 次元の第 k 因子負荷ベクトル、 v_k はそのスカラー値重み、 ϵ は M 次元の残差ベクトルである。全因子付加ベクトルをまとめた行列 $U = (\mathbf{u}_1, \dots, \mathbf{u}_K)$ を因子負荷行列と呼ぶ。

行列因子化法に基づく画像処理³⁾⁴⁾は、基底学習と、基底適用の2プロセスからなる。基底学習のプロセスでは、十分なサンプル数を持つパッチ行列 Y の全体を最も良く再現できるような因子負荷行列 U を求める。基底適用のプロセスでは、ノイズや欠測を含み修復の必要のあるパッチ画像 \mathbf{y} について既知因子負荷行列 U に基づく基底重みベクトル $\mathbf{v} = (v_1, \dots, v_K)$ を求めたのち、これに基づいて修復パッチベクトル $\hat{\mathbf{y}} = U\mathbf{v}$ を求める。

3. パッチ方向を揃える工夫について

前節で述べたような因子負荷行列 U を得る際、被写体構造の対称性を考慮することによって、モデル化精度を改善できる可能性がある。特に神経細胞は繊維状構造を持つので、パッチを適切に回転させる操作によって神経線維の主要な走行方向を揃えることで、適切なモデル化が期待できる。具体的には以下のように行った。

1. 基底学習のプロセスにおいてパッチ行列 Y を集める際、あらかじめ用意した縦線状の画像との相関が最大となる回転角にパッチ画像を回転させる過程を加えた。
2. 基底適用のプロセスにおいて、パッチ画像を同様に回転させたのちに修復パッチベクトル $\hat{\mathbf{y}}$ を求め、これを逆回転させたのちに元画像に埋め込んだ。

4. 実験と結果

公開されている神経細胞顕微鏡画像⁵⁾に基づいて、因子化による画像修復および、画像修復におけるパッチ方向揃えの効果を比較評価した。図1に、ランダムに50%の欠損を加えた画像(左)と、パッチ方向を揃えた因子化 ($K = 30$) による修復結果を示す。概ね神経細胞の形状を自然に修復できていることが分かる。図2に、パッチ因子の例を示す。通常因子化によるものを上二段、パッチ方向を揃えた場合のものを下二段に示して比較しているが、通常因子化では二次元フーリエ基底に似たものが得られているのみであるのに対し、

^{†1} 京都大学大学院情報学研究科

パッチ方向を揃えた因子化では繊維構造に依存した形状の因子が見られる。

画像修復性能は因子数 K に大きく依存するので、因子数 K を変えながら同様の処理を行い、修復精度を比較した。図3では、パッチ方向を揃えることで、より良い修復性能が得られることが分かる。

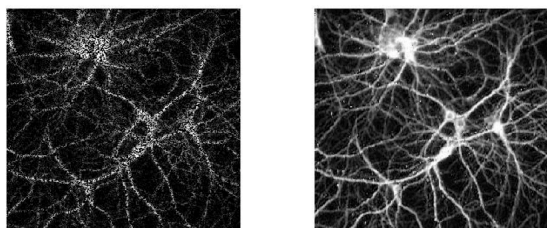


図1 左がランダムに50%の欠損を施した修復前の画像、右が修復後の画像。

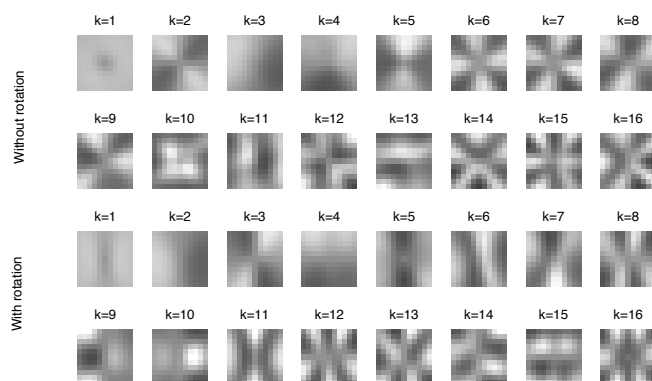


図2 パッチ因子。上二段は通常の因子化によるもの、下二段は繊維走行方向に揃えたパッチの因子化によるものを、それぞれ20個ずつ固有値の順に示している。

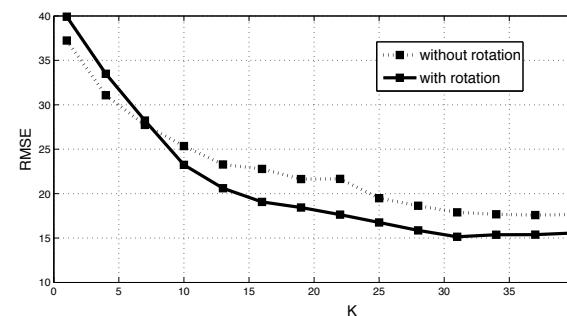


図3 画像修復性能比較。横軸に因子数、縦軸に修復の平均二乗誤差を示す。点線は通常の因子化によるもの、実線はパッチ方向を揃えた因子化によるものを示す。

5. まとめと今後の課題

蛍光画像を時系列で観測する際には、単位時間あたりのフレーム数を多くしようとする、ノイズが増え解像度が低くなりやすいジレンマがある⁶⁾。解像度の高い観測画像で作成した基底因子に基づく低解像度画像の修復が可能になると、低いコストで高い解像度の観測結果を得ることができる。今後は修復性能をさらに高め、3次元画像や動画画像に対して応用を広げてゆくことで、神経細胞の精細な構造を見出してゆく。

参考文献

- 1) Andrzej Cichocki et al., Nonnegative Matrix and Tensor Factorizations, WILEY, 2009.
- 2) Stephane G. Mallat, Theory for Multiresolution Signal Decomposition: The Wavelet Representation, Pattern Analysis and Machine Intelligence: IEEE Transactions on, Vol. 11 Issue: 7 pp. 674-693, 1989.
- 3) Daniel D. Lee & H. SebastianSeung, Learning the parts of objects by non-negative matrix factorization, Nature, Vol. 401 Issue: 6755 pp. 788-791, 1999.
- 4) Ji Liu, Przemyslaw Musialski, Peter Wonka & Jieping Ye, Tensor Completion for Estimating Missing Values in Visual Data, pp. 2114 - 2121, ICCV, 2009.
- 5) Paul De Koninck Lab, <http://www.greenspine.ca/Images>.
- 6) Christoph Stosiek, Olga Garaschuk, Knut Holthoff & Arthur Konnerth, In vivo two-photon calcium imaging of neuronal networks, PNAS, vol. 100 no. 12 pp. 7319-7324, 2003.