

神経突起長と分子濃度の定量化ソフトの高速化

情報科学科 松井 航紀

指導教員：作村 諭一

1 はじめに

生物学は他の自然科学分野に比べ、「注目対象の定量的観測」という分野に関して遅れを取っている。近年技術の発達が進み、神経細胞の形状や注目する分子を濃度の体積画像として記録することが可能になった。しかし、画像からでは情報を得ることが出来ないため、画像からデータを解析し、数値化して情報を得ることが必要である。神経細胞を数値化する上での問題点は2点ある。

1つ目は、画像データのコントラストがはっきりしていないことである。細胞の撮影時にゴミやボケが含まれているため、画像から数値化するのが困難となっている。2つ目は、細胞画像の枚数が膨大な量である。神経細胞の連続撮影された画像であるので、一枚毎に手動で処理をするのは困難である。

先行研究では、連続撮影された神経細胞の顕微鏡画像に対応可能かつ半自動処理が可能なソフトウェア「Neuronal morphology Analysis Toolkit Laboratory(Natlab)」が開発されている。しかし、Natlab では実行時に膨大な計算時間を使用してしまうという問題点が挙げられている。計算時間を削減し、高速化することで生物学研究を効率的に解析することが出来る。

2 Natlab

Natlab による画像処理の流れは以下のようになっている。

1. 連続撮影された神経細胞の画像を Natlab に読み込む。
2. 読み込んだ画像を二値化し、細胞体と神経突起を抽出する。
3. 二値化した神経突起を細線化する。
4. 細線化した画像の閉ループを除去する。
5. 実際の画像に合わせて、二値化した画像の突起を調整する。
6. 神経細胞の画像から神経突起長と分子濃度を取得し、記録する。

実際に Natlab によって処理された画像を図 1 に表示する。赤く細い線は細線化された神経突起、赤く丸い塊は細胞体を二値化したものである。図 1 は、突起が一本無くなってしまっているため、例外処理の機能で突起を付け足さなければいけない。その後、細線化画像から神経突起長と分子濃度を定量化することが出来る。定量化されたデータは Excel でのデータの確認を行うことを可能にするため、Comma Separated Value(csv) 形式でデータの保存を行う。

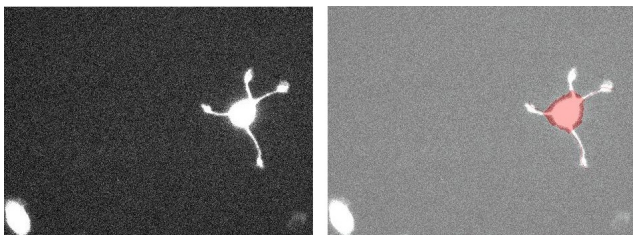


図 1 先行研究の Natlab を適用した結果の細胞画像

3 Natlab の問題点と解決方法

Natlab の問題点としては、計算時間が膨大であること、神経突起と細胞体の二値化の精度、突起末端の推定を行う時に突起が消えてしまうことが挙げられます。計算時間が膨大にかかっているのは、二値化の処理時である。そのため、神経突起と細胞体の二値化のアルゴリズムの変更を行った。処理の変更により、二値化の精度の向上と計算時間の削減が可能となったのである。突起末端の推定を行うときには、実際の画像の輝度値を利用して比較する。条件で収束しない時に突起が消えてしまうので、収束しない時には削る前の細線化画像の突起を当てはめることにした。変更後の Natlab によって処理された画像を図 2 に表示する。実際に細胞体の二値化が先行研究のものより、精度が上がっている。また、細線化した突起が先行研究のもの比べて残っている。

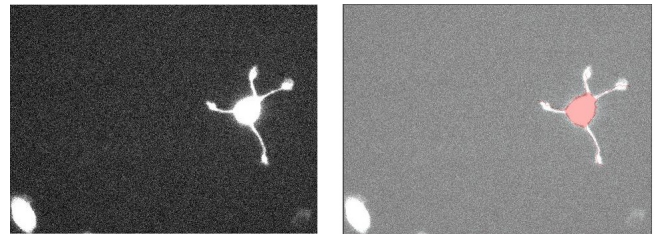


図 2 変更後の Natlab を適用した結果の細胞画像

4 Natlab の計算時間の比較

定量化時のユーザが反応を待たなければならない時間の表を以下に示す。変更後の Natlab では先行研究の Natlab に比べ、9 割ほどの計算時間の削減が可能になった。主に計算時間がかかっているのは、ユーザが管理すべき処理が全て終了した後の処理である。ゆえに、実質的にユーザが拘束される時間は 10 秒程度である。

	先行研究	変更後
画像読み込み枚数 (4 枚)	465.5 秒	7.6 秒
画像読み込み枚数 (5 枚)	592.1 秒	10.5 秒
画像読み込み枚数 (6 枚)	725 秒	11.5 秒

表 1 画像から神経突起長と分子濃度を定量化するまでにユーザが反応を待たなければならない時間。縦軸が画像の読み込み枚数。横軸が先行研究と変更後の Natlab を表示。

5 おわりに

本研究では、Natlab の高速化することができた。また、神経突起と細胞体の二値化の精度が向上したため、正確な神経突起長と分子濃度を定量化することが可能となった。そのため、定量化を正確かつ高速化することができたため、その後のデータを用いた解析を、実際の画像に近い状況で行えるようになった。