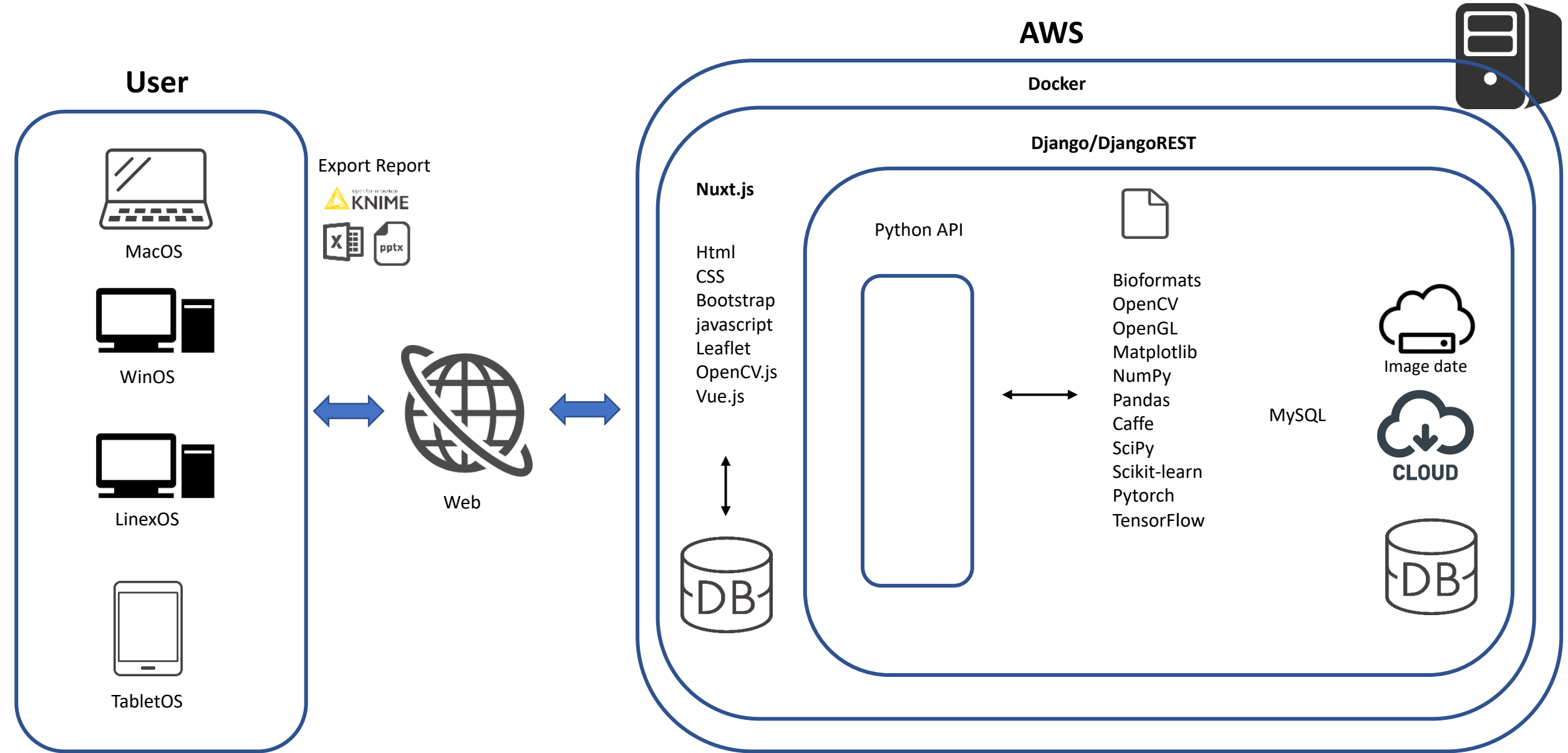


Overview of software system blueprints



What are the functions required to display images?

Linking image metadata

Bioformats

Using the function of Bioformats, each file (from meta information and file name) is read, Vessel (container selection, column, row binding), objective lens, channel, Z stack, time run is read and optimized.

Enable to display images in cooperation with ui.

The flat image also reads tile image data like Map and arranges them in the correct order so that the connection can be displayed.

Views of tile data

Bioformats

leaflet

OpenCV.js

Make tile images connectable and stitchable for display.

Tile images are often 100,000x100,000, so it is necessary to reduce the weight.

ex) Automatic creation of MAP hierarchy

Views of 3D and Timelapse

OpenCV.js

OpenGL

3D image and timeline display

Channel timeline, 3D function can be linked and displayed

ImageAnalysis software field 1

The screenshot shows the ImageAnalysis software interface. On the left is a menu with options like File/Edit, Open, Save/Load, Copy/Paste, Comment, and ChangeDimension. The main area displays a 'VesselSelect' dialog box with tabs for Slide, Dish, WellPlate, Wafer, and Custom. Below these tabs are icons for different vessel types with counts: 6, 12, 24, 48, and 96. A red box highlights the WellPlate section, with the annotation 'Vesselの自動選択' (Automatic vessel selection). On the right is a 'ViewControl' panel with a 96wellPlate grid, magnification options (4X, 10X, 20X, 40X, 100X), a ViewMethod section with color-coded checkboxes (S, B, G, R, C, Y, M), and sliders for Light, Z-Position, and TineLine. Red annotations point to these controls: '対物レンズの紐づけ・知物レンズ情報の表示' (Objective lens assignment, objective lens information display) points to the ViewMethod section; 'チャンネルの紐づけ、ON・OFFで表示表示の切り替え' (Channel assignment, ON/OFF display switching) points to the ViewMethod checkboxes; 'Zポジションの紐づけ、表示' (Z-position assignment, display) points to the Z-Position slider; and 'タイムラインの紐づけ・表示' (Timeline assignment, display) points to the TineLine slider. A red box highlights the grid in the ViewControl panel, with the annotation 'カラム・ロウ (A1やB3などの紐づけ) 紐づいた部分は青で表示してクリックする際の画像が真ん中のカラムに表示' (Column/Row (A1, B3, etc. assignment) assigned parts are displayed in blue, and the image shown when clicking is the image in the center column).

コアメタデータフィールド	APIメソッド
画像の幅	getSizeX ()
画像の高さ	getSizeY ()
ファイルごとのシリーズ数	getSeriesCount ()
シリーズごとの画像の総数	getImageCount ()
現在のシリーズのスライスの数	getSizeZ ()
現在のシリーズのタイムポイントの数	getSizeT ()
現在のシリーズの実際のチャンネル数	getSizeC ()
画像あたりのチャンネル数	getRGBChannelCount ()
現在のシリーズ内の画像の順序	getDimensionOrder ()
各画像がRGBかどうか	isRGB ()
ピクセルバイトがリトルエンディアン順かどうか	isLittleEndian ()
画像のチャンネルがインターリーブされるかどうか	isInterleaved ()
このファイル内のピクセルデータのタイプ	getPixelType

画像の幅・・・同じ大きさを画像連結のルール

画像の高さ・・・同じ大きさを画像連結のルール

ファイルごとのシリーズ数・・・Vessel

シリーズごとの画像の総数・・・hole

現在のシリーズのスライスの数・・・Zポジション

現在のシリーズのタイムポイントの数・・・タイムライン

現在のシリーズ内の画像の順序・・・ホールの画像の連結順序に関連

画像あたりのチャンネル数・・・ビューメソッド

各画像がRGBかどうか・・・ビューメソッドがカラー画像ならSに紐づけ、B・G・Rの画像があればそれぞれ紐づけ

ピクセルバイトがリトルエンディアン順かどうか・・・??おそらく上記の情報の読み取り?

画像のチャンネルがインターリーブされるかどうか・・・ビューメソッドに関連

このファイル内のピクセルデータのタイプ・・・???

bioformats: Vessel setting concept

VesselはRowとColumnの数で紐づけるベッセルを決めていく

例

scan_Bottom Slide M p00 0 A01f00d0.JPG

ベッセルの種類 (Slide、Well、Dish、)

ベッセルの撮影の番目

タイムラインの番目

Zポジションの番目

Vesselの中のHole(丸・四角)の位置

Hole(丸・四角)の中の撮影順番

チャンネルの順番 (Blue、Green、Redの順番が多い) この場合はBlue

bioformats: Vessel setting concept

VesselはRowとColumnの数で紐づけるベッセルを決めていく

例

A01のみ場合はSlideのSingleに紐づけ。

A01、A02、A03、A04までであればSlideのDoubleもしくはQuattourに紐づけ。

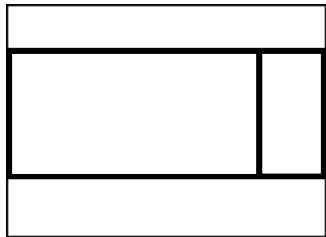
A01以外にB01があってA02までであればWellの4wellに紐づけ。

H12までのいずれかがあって、それ以上はない場合はWellの96well。

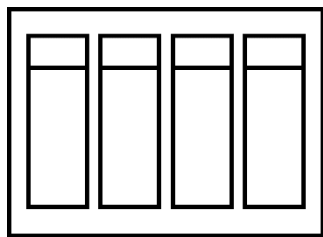
ファイル名もしくはメタファイルにinchという文字があればwaferを優先。

Waferは150,200,300とファイル名・メタファイルになれば150を優先。

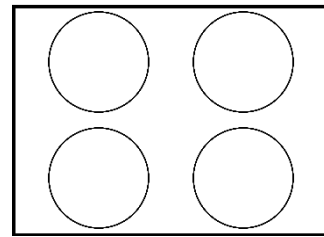
同じ条件であれば優先順位は、Slide > Dish > Wafer > Well の順番



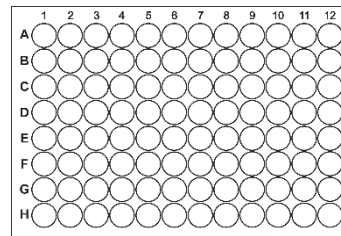
Slide Single



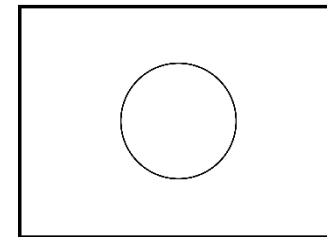
Slide Quattour



Well 4well



Well 96well



Wafer 150mm

bioformats: Vessel setting concept

VesselはRowとColumnの数で紐づけるベッセルを決めていく

```
<ome:OME xmlns:ome="http://www.openmicroscopy.org/Schemas/OME/2016-06" xmlns:xsi="http://www.w3.org/2001/XMLSchema-instance"
xsi:schemaLocation="http://www.openmicroscopy.org/Schemas/OME/2016-06 http://www.openmicroscopy.org/Schemas/OME/2016-06/ome.xsd"><ome:Image ID="Image:0"
Name="scan_Bottom Slide_M_p00_0_A01f00d0.JPG"><ome:Pixels BigEndian="true" DimensionOrder="XYCZT" ID="Pixels:0" Interleaved="false" SignificantBits="8" SizeC="3" SizeT="1"
SizeX="2080" SizeY="1552" SizeZ="1" Type="uint8"><ome:Channel ID="Channel:0:0" SamplesPerPixel="3"><ome:LightPath /></ome:Channel><ome:MetadataOnly
/></ome:Pixels></ome:Image></ome:OME>
```

DimensionOrder="XYCZT" ... 次元情報XYとC(チャンネル)とZ(Zポジション)とT(タイムライン)

SignificantBits="8" ... 8bit

SizeC="3" ... チャンネルの数?もしくは3でBGRを表しているかも

SizeT="1" ... タイムラインの数

SizeX="2080" ... Xのピクセル数

SizeY="1552" ... Yのピクセル数

SizeZ="1" ... Zポジションの数

Type="uint8" ... ?8ビット?かわらないです

SamplesPerPixel="3" ... pixelに対するスケール情報だと思いますがXYなのかZなのか
かわらないです。

bioformats: Vessel setting concept

Bioformatsが対応しているメタファイル一覧:

こちらを読み込んでVessel(容器)、hole(容器の位置 A01やB02など),hole内の並び順を認識して並べる、対物レンズ、チャンネル(BGRなど)、ビット情報、Zポジション(高さ)、タイムライン(時間)を各ボタンに紐付ける。

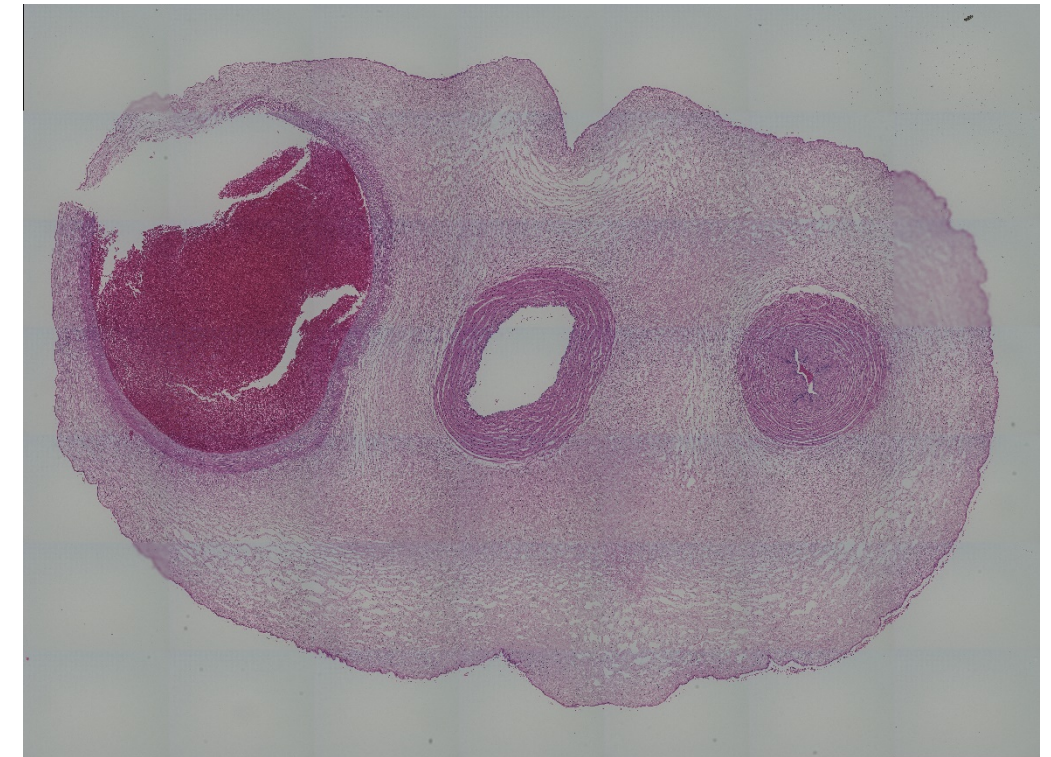
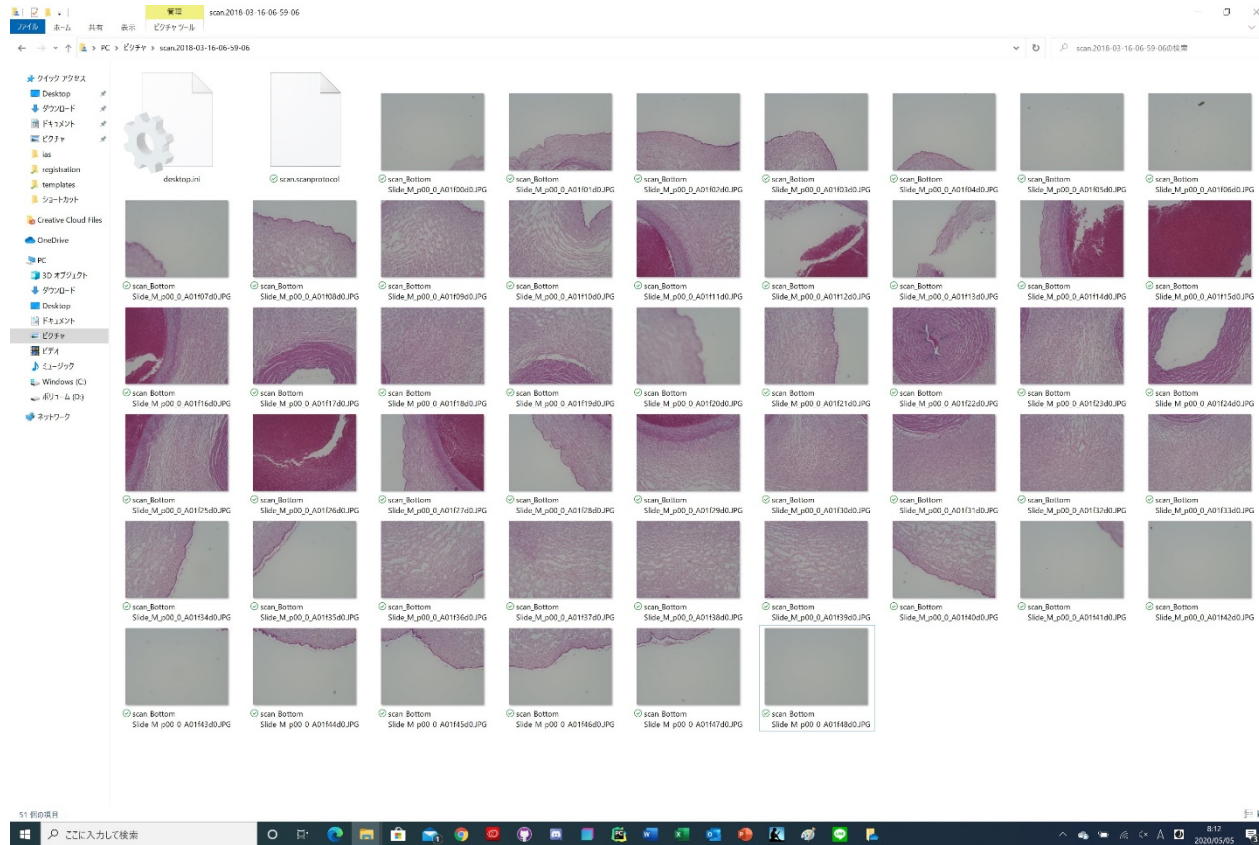
<https://docs.openmicroscopy.org/bio-formats/6.5.0/supported-formats.html>

ImageAnalysis software tile

タイル画像



連結画像



※画像の配置は撮影データの開始が左上、左下、中心から蛇行型、直線型、右螺旋、左遷など様々あるので対応が必要。
画像連結時に背景のむら除去(シェーディング)、タイル画像同士のパターンを読み込んでの自動連結、連結部位の透過度の調整も必要

Sample image date

サンプルデータのリンク先一覧

<https://downloads.openmicroscopy.org/images/>

<https://cellprofiler.org/examples/>

<https://data.broadinstitute.org/bbbc/BBBC017/>

Original data for which want to add functions

[Original data link](#)