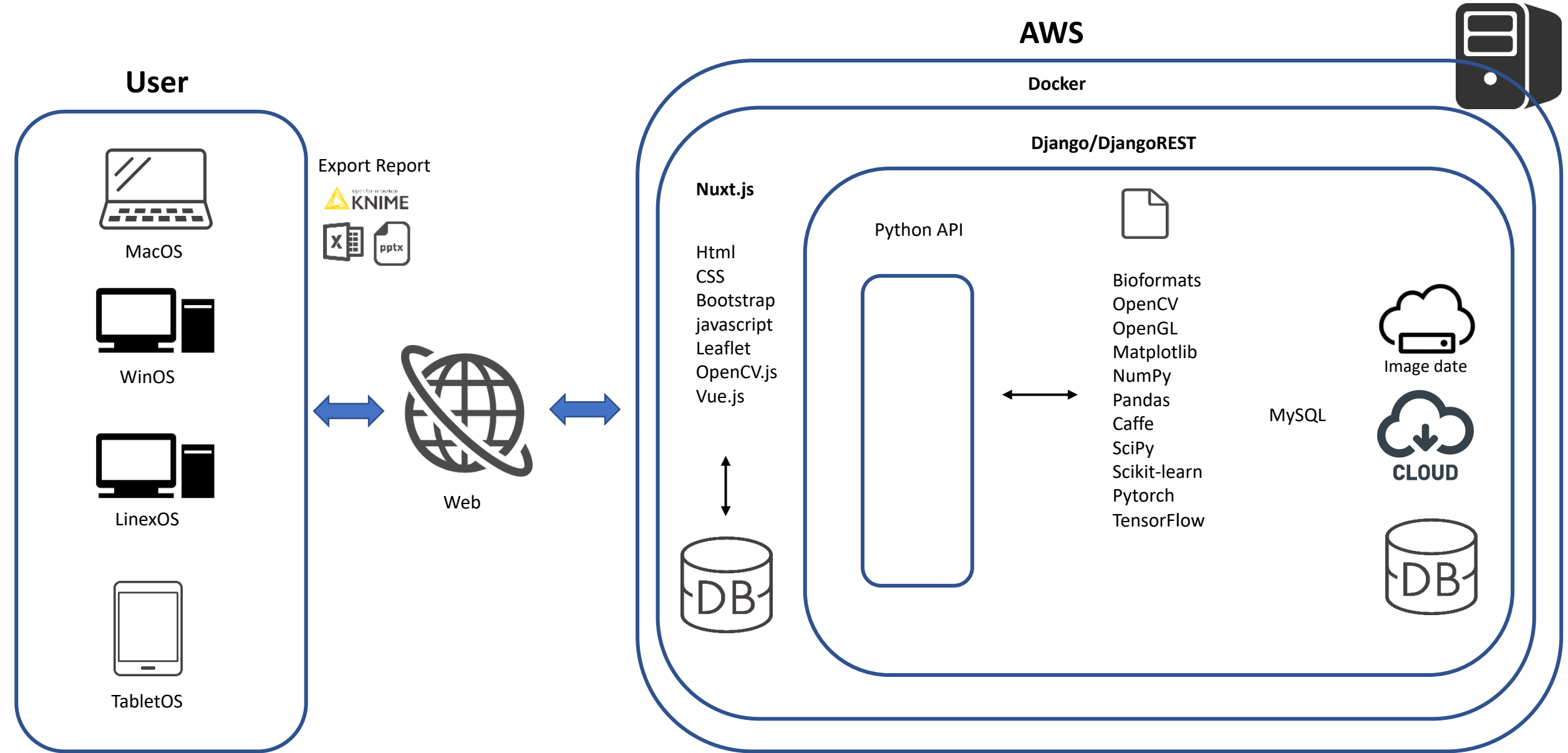


Overview of software system blueprints



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

Image insertion and display specifications

【背景】

画像シングルWebアプリケーションの画像挿入に関わる部分と簡単な画像処理の機能の実装

bioformats(OME-serverは用いない)を用いて各メタデータを

Vesselの自動選択

Vessel holeの自動紐づけ(カラム、ロウ)

チャンネルの自動紐づけ(重ね合わせ表示)

対物レンズの自動紐づけ

Zスタックの自動紐づけ

タイムラインの自動紐づけ

に自動紐づけ

またファイルネームに記載している場合もあるので、同様にこちらも半自動で設定して紐づけ

leaflet, bioformatsもしくはOpenCVでタイル状の画像を表示

表示するタイルは連結する必要があり、画像のはしごとのパターンを認識して貼り付けるStichng機能の実装

タイル連結の順番の組み合わせ縦向き・横向き・左右反転・上下反転・牛降順

枚数に対する行と列の数の設定

XYの隙間の設定

パターンマッチング・パターンマッチングの%設定・XYの重なりpixel領域の設定

シェーディング補正

ホワイトバランス・ブラックバランス設定

エッジ吸着

吸着設定なしで結合

3Dの表示・抽出

タイムラインの表示・抽出

bit数の維持

bioformatsダウンロードページ

<https://www.openmicroscopy.org/bio-formats/>

作成しているソフトウェアデータ

https://drive.google.com/drive/folders/1_wsZTGqWwjq1xPfOkc5O3k3gcB0GQm4?usp=sharing

用語の補助

Vessel・・・検体を入れる容器のこと

hole・・・検体が入っている容器の中の箇所

Zスタック・・・3Dの元になる連続画像

タイムライン・・・動画

Stichng・・・画像と画像を連結させること

パターンマッチング・・・画像の同じ部位を認識して結合すること

シェーディング補正・・・画像を連結する際の元となる画像同士の背景のむらおよび連結部位の重なりによる輝度・色あいの変化を補正すること

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 buttons (S, B, G, R, C, Y, M), and sliders for Light, Z-Position, and TineLine. Red annotations point to these sections: '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 Light section; 'Zポジションの紐づけ、表示' (Z-position assignment, display) points to the Z-Position section; and 'タイムラインの紐づけ・表示' (Timeline assignment, display) points to the TineLine section. Another 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) points to the 96wellPlate grid.

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 ...ボタン実装予定

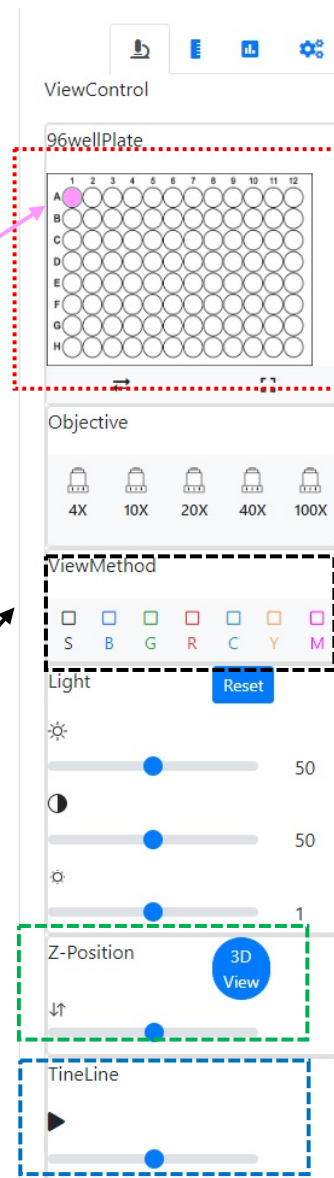
タイムラインの番目

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 ...Page9を参照

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。

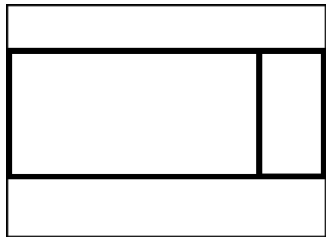
A01以外にB01があってA02までであればWellの4wellに紐づけ。

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。

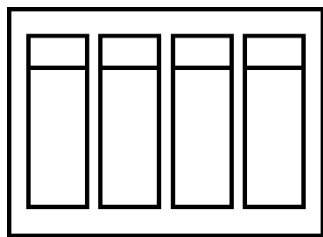
ファイル名もしくはメタファイルにinchという文字があればwaferを優先。

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。

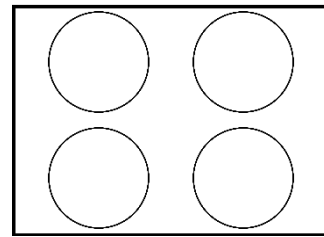
同じ条件であれば優先順位は、Slide > Dish > Wafer > Well の順番



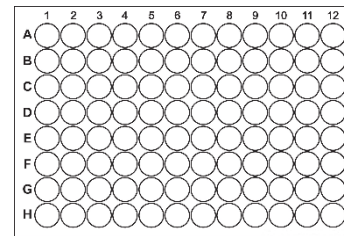
Slide Single



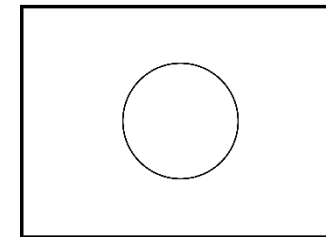
Slide Quattour



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

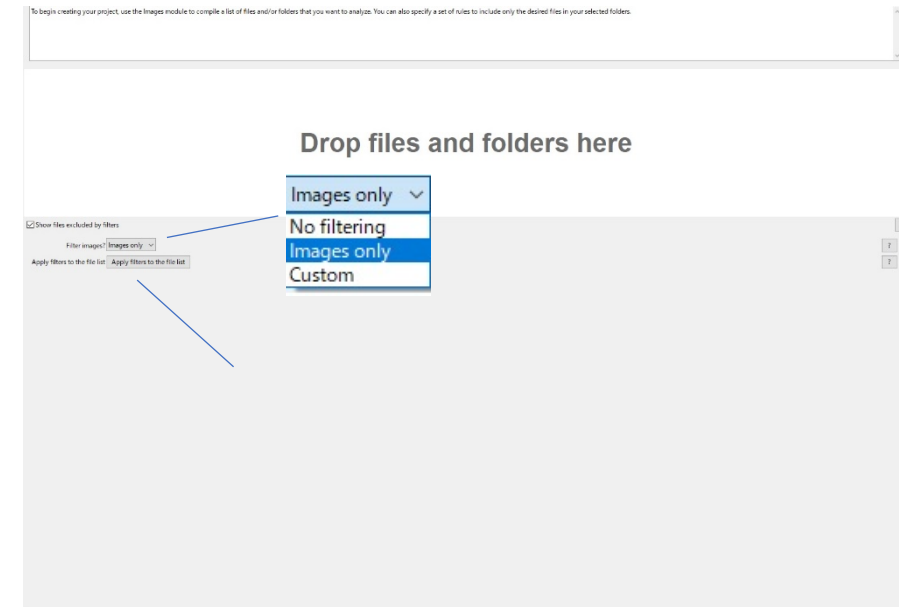
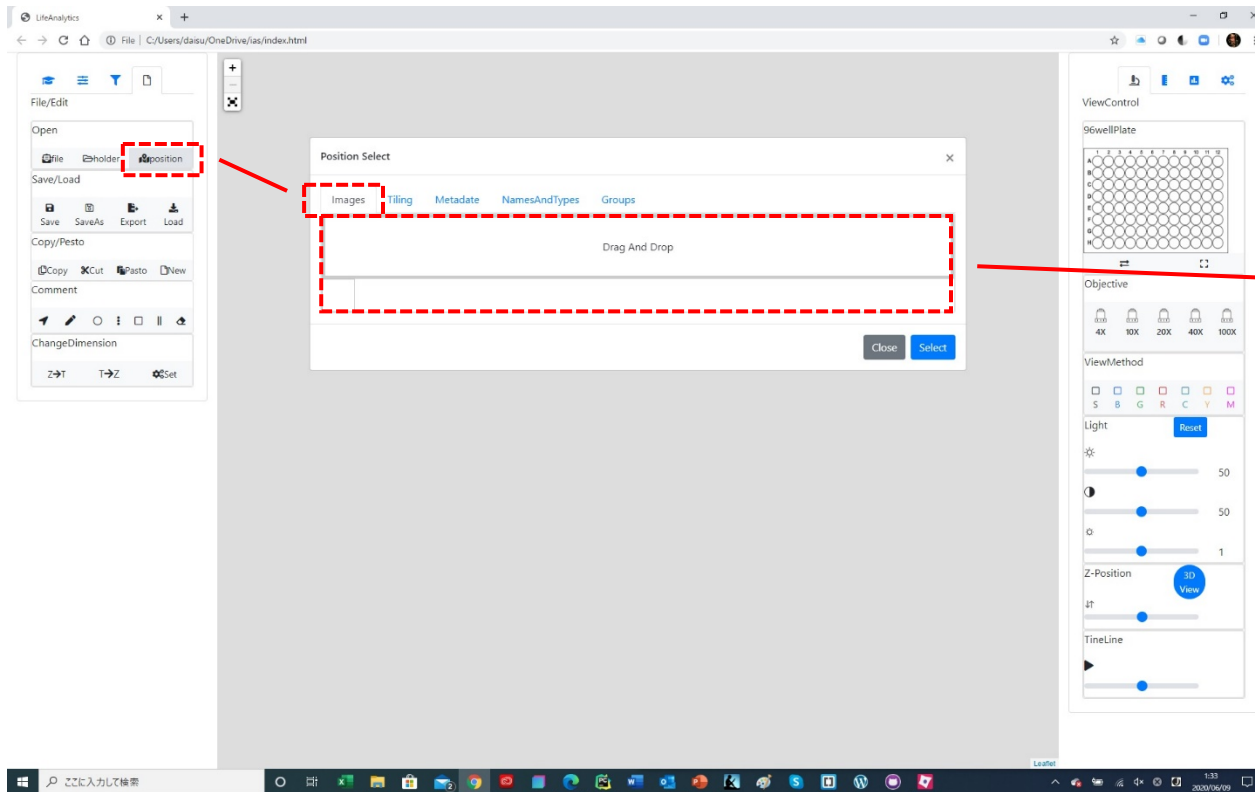
SizeY="1552" ... Yのピクセル数

SizeZ="1" ... Zポジションの数

Type="uint8" ... ?8ビット?かわらないです

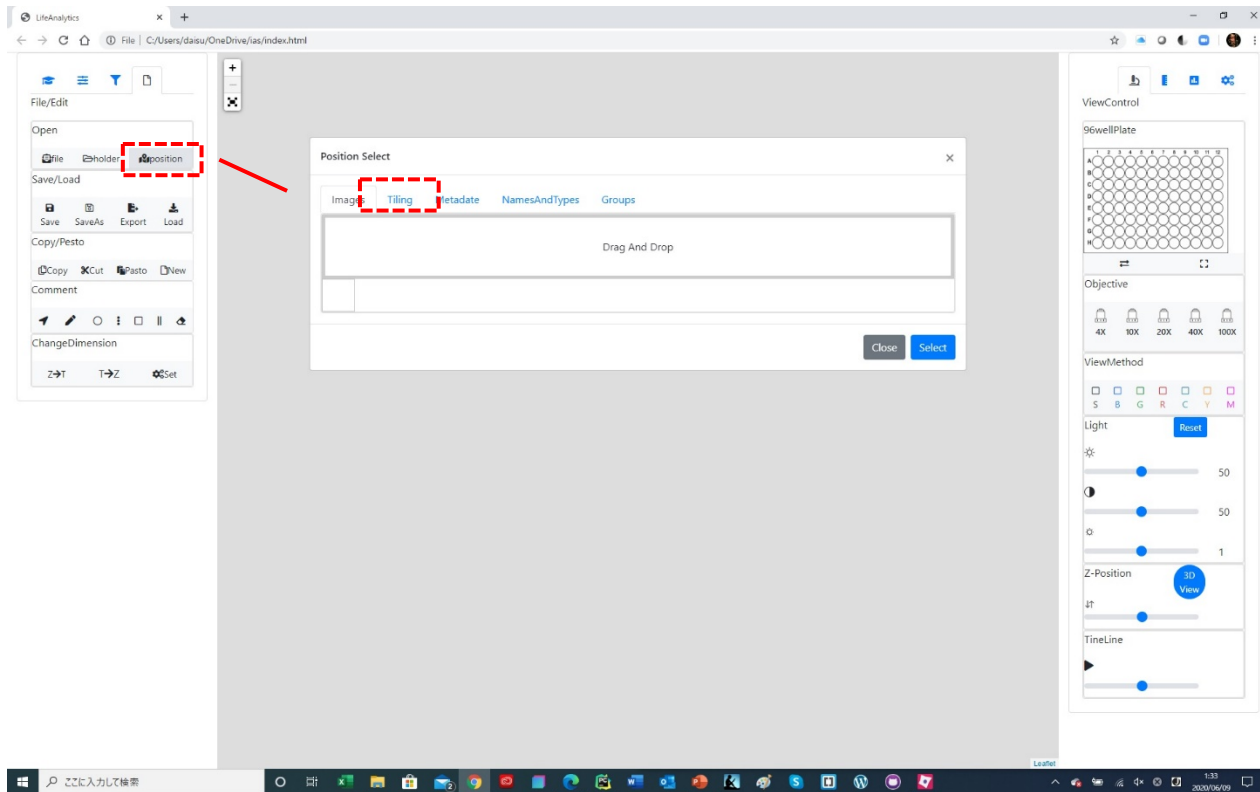
SamplesPerPixel="3" ... pixelに対するスケール情報だと思いますがXYなのかZなのか
かわらないです。

bioformats: Vessel setting concept: Images



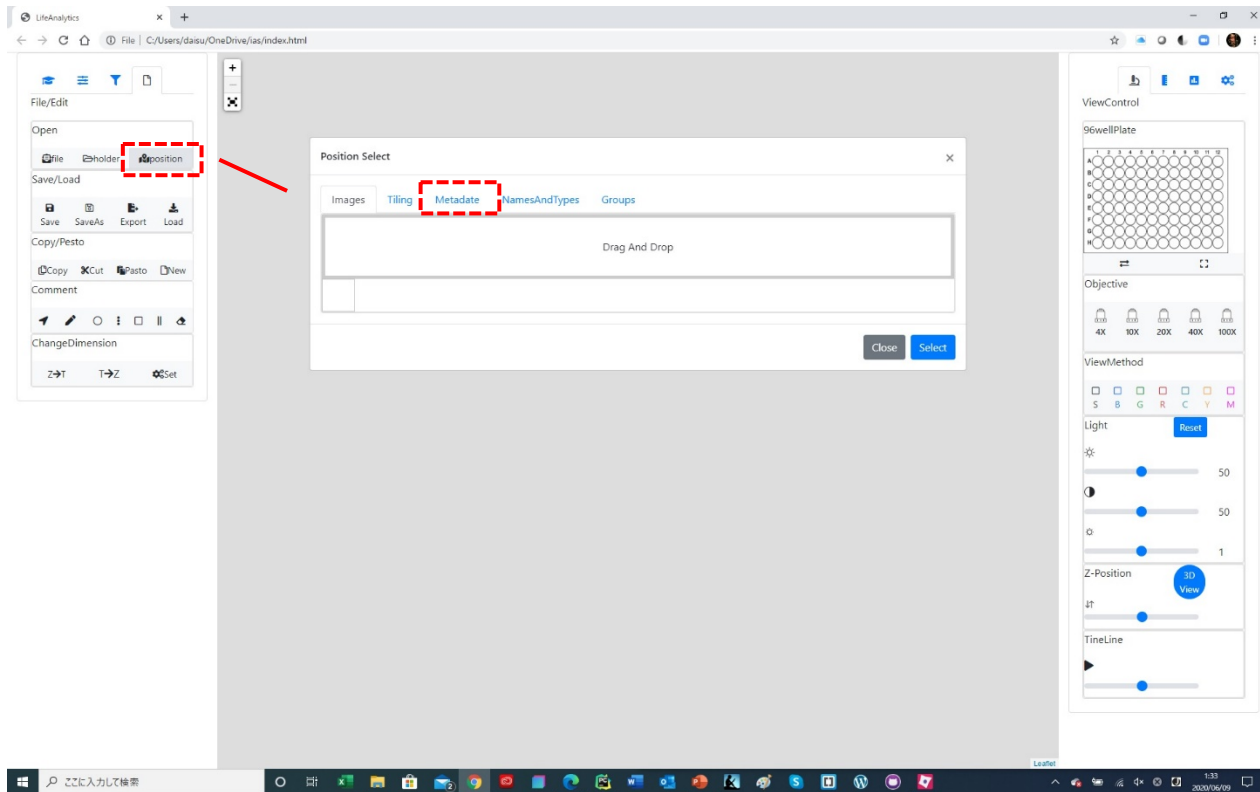
メタファイルやホルダごとドラック&ドロップと
openしてホルダもしくは複数ファイルの選択・挿入ができるようにしたい

bioformats: Vessel setting concept:Tiling



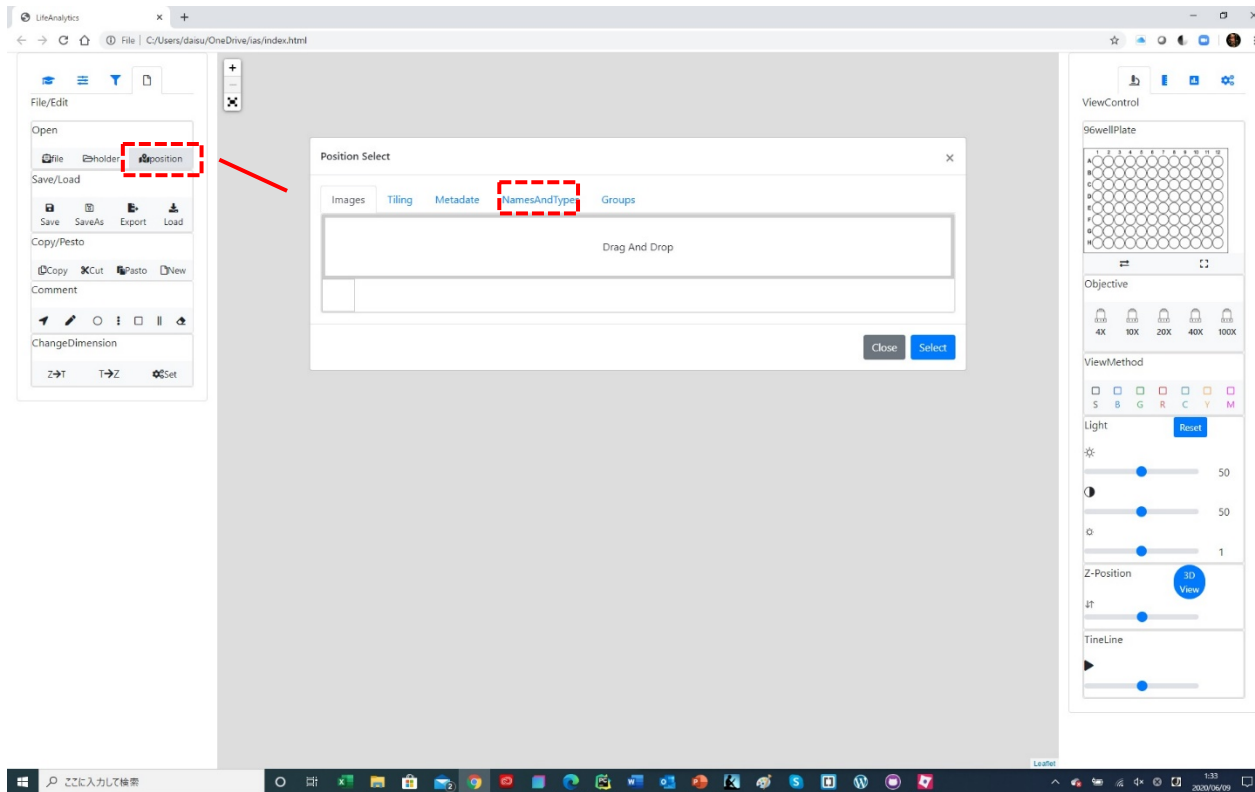
Tilingに関する設定はこちらのタブ内で設定できるようにしたい、プレビュー表示も含む

bioformats: Vessel setting concept: MetaDate



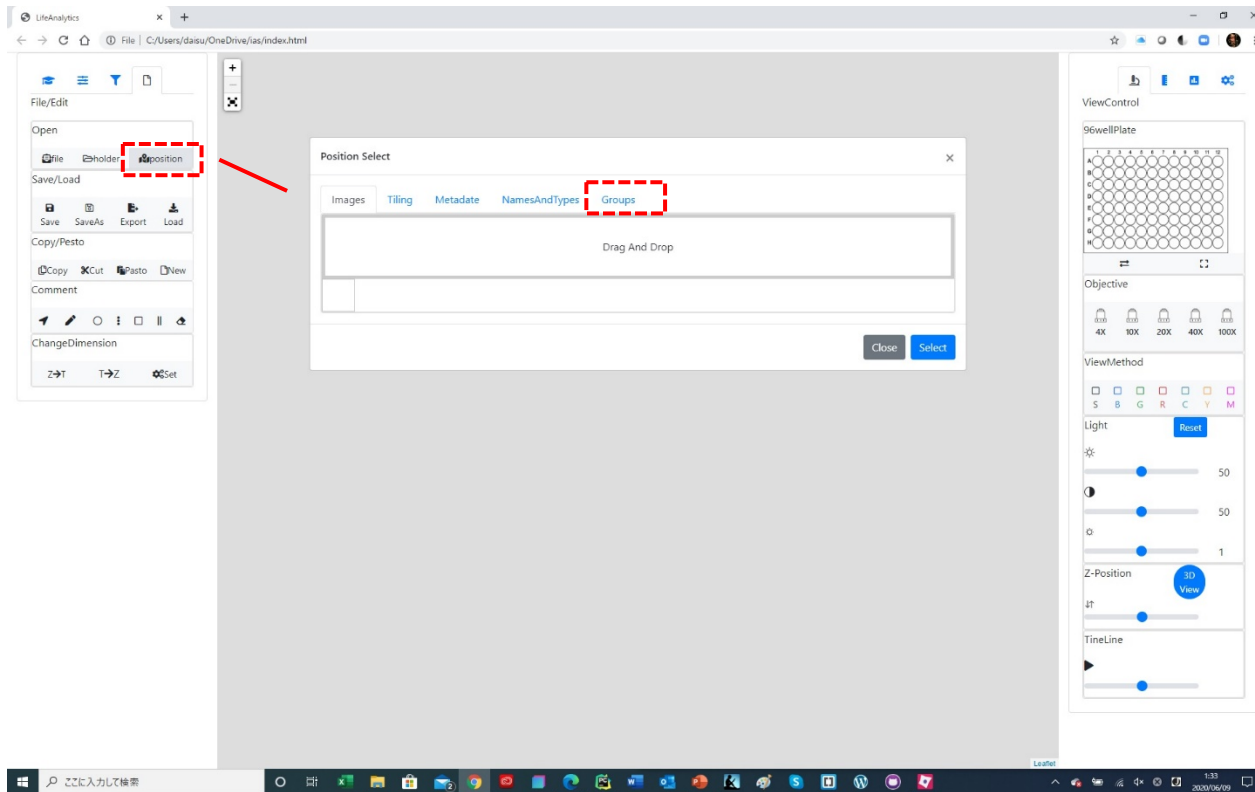
メタデータに関わる設定はこちらのタブ内で設定できるようにしたい

bioformats: Vessel setting concept: Name And Type



ファイルネームからの紐づけに関わる設定はこちらのタブ内で設定できるようにしたい

bioformats: Vessel setting concept:Groups



Veseelがいくつもあるなどの設定はこちらのタブ内で設定できるようにしたい

bioformats: Vessel setting concept

Bioformatsが対応しているメタファイル一覧:

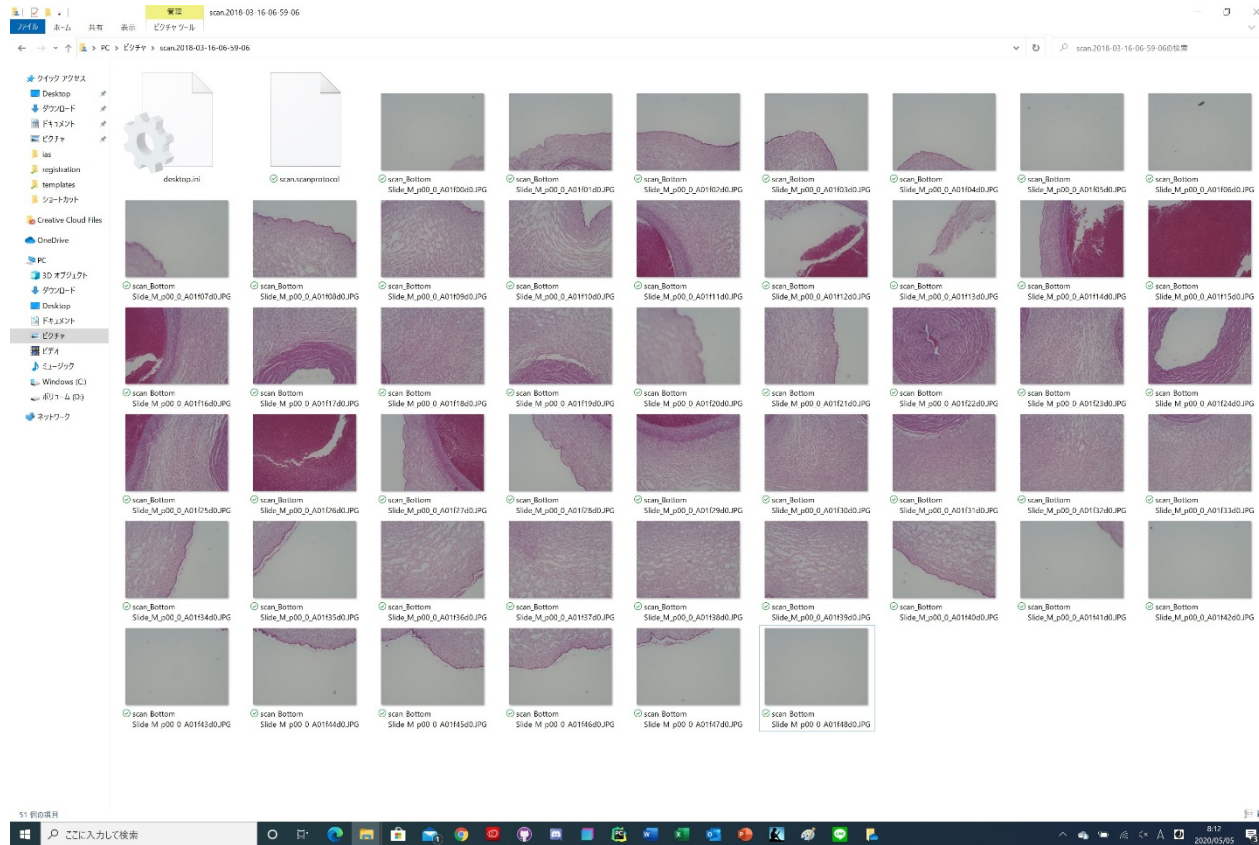
こちらを読み込んでVessel(容器)、hole(容器の位置 A01やB02など),hole内の並び順を認識して並べる、対物レンズ、チャンネル(BGRなど)、ビット情報、Zポジション(高さ)、タイムライン(時間)を各ボタンに紐付ける。

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

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

OMEサイトのbioformats検証用メタファイル

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

CellProfilerというbioformatsを使っているソフトのサンプルデータ一覧サイト(画像は一枚ごと)

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

CellProfilerというbioformatsを使っているソフトのサンプルデータ一覧サイト(画像は複数枚を取り込んで検証する用)

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

ファイル名で紐づけ検証をする用 bioformats: Vessel setting conceptのページに記載されているデータ

<https://drive.google.com/drive/folders/1YzTRFylkAVX47ZmgejiXhD5ntJOUtRRd?usp=sharing>

カールツァイスというメーカーのメタファイル(cziファイル)

https://drive.google.com/drive/folders/1C5RoQNFQomX_be8GNwQNqc4RxAE8MFCC?usp=sharing

Sample image date

サンプルデータのリンク先一覧

タイリング(ステッチング)用サンプルデータ

https://drive.google.com/drive/folders/153DDtkhv3Dnc8e9FhFkK1m-mMIFw_eti?usp=sharing

Image.sc.forumというサイトでタイリング用のサンプルデータの提供をお願いしました。反応あるかもしれません。

<https://forum.image.sc/t/can-anyone-provide-sample-data-for-tiling-verification/39198?u=daisukekubota>

タイリング(ステッチング)の参考になるオープンソースのソフトウェア : Qupath

<https://qupath.github.io/>

Basics about microscopes

工業用顕微鏡についての基礎

<https://www.olympus-ims.com/ja/microscope/terms/>

生物用顕微鏡についての用語集

<https://www.olympus-lifescience.com/ja/support/terminology/>

画像解析のプログラミング全般の相談サイト image.sc.forum

<https://forum.image.sc/>