

3次元動画像内の非常に多数の細胞領域を自動追跡するための粒子フィルタ手法の開発

An extension of the particle filter for tracking many cell regions in a 4D imaging data

広瀬 修^{*1} 川口 翔太郎^{*1} 徳永 旭将^{*2} 豊島 有^{*3} 寺本 孝行^{*4} 佐藤 賢二^{*1}
 Osamu Hirose Shotaro Kawaguchi Terumasa Tokunaga Yu Toyoshima Takayuki Teramoto Satou Kenji
 池端 久貴^{*5} 佐藤 博文^{*3} 久下 小百合^{*4} 石原 健^{*4} 飯野 雄一^{*3} 吉田 亮^{*2}
 Hisaki Ikebata Hirofumi Sato Sayuri Kuge Takeshi Ishihara Yuichi Iino Ryo Yoshida

^{*1}金沢大学 Kanazawa University ^{*2}統計数理研究所 The Institute of Statistical Mathematics ^{*3}東京大学 The University of Tokyo ^{*4}九州大学 The University of Tokyo

^{*5}総合研究大学院大学
 Graduate University of Advanced Studies

We propose a novel object-tracking method based on Markov random field that models covariation and preservation of relative positions among multiple targets. Our method drastically improves the tracking performance in comparison with the standard particle filter. We demonstrate the performance of our algorithm through the application to synthetic data.

1. 導入

近年、共焦点レーザー顕微鏡などの視覚化技術と生体内蛍光観測技術が劇的に発展した。その結果、医学生物学分野においてこの観測技術が細胞レベルから1タンパク質レベルの視覚化に至るまで活発に利用されている。それに伴い医学生物学分野で計算機による動画の解析が注目を浴びている。医学生物学において例えば病変部位の正常・異型細胞の数え上げや線虫の神経細胞の活性強度など画像情報からの定量化が必要とされるものの、このような作業は人的コストが非常に高く、自動化が避けられないことがその理由である。例えば、肝臓の超音波画像から肝臓の病変を自動検出・分類するための統計科学的な手法が開発されている [Jeon 13]。

このような流れの中で Smalらは伸展中の微小管の先端を計算機で追跡するための粒子フィルタを利用した手法を開発した [Smal 08]。粒子フィルタはもともと状態空間モデルと呼ばれる統計モデルに対する分布推定の手法で、その汎用性から人の顔や手の追跡など動画における様々な対象物の追跡に応用される。直感的には粒子フィルタは物体の運動法則による移動予測といわば計算機上での海戦術的な場当たり探索を組み合わせた方法である。この意味で粒子フィルタの「粒子」とはいわば対象物を探索するための「人員」に対応し、各々の人員は物体の移動予測分に加え各自場当たりに移動する。探索の過程で、対象物が存在する可能性が低い場所から高い場所に人員を再配分することで、結果として多くの人員が残された場所が対象物の推定位置となる。Smalの研究は粒子フィルタに微小管の先端への他の物体の衝突回避を組み込んだ点で先駆的であった。

粒子フィルタは非常に強力な物体追跡の手法であるものの、細胞動画像に対し多数の類似物体の同時追跡を目的として標準的な粒子フィルタを応用した場合、近い距離に存在する別の対象物を本来の追跡対象と誤認する失敗が容易に起こる。このような追跡ミスが問題となるのは細胞動画像の次のような特徴に

由来する：

- 対象物の数が多く密に存在する
- 多数の対象物が視覚的に類似している

例えば発生段階における細胞の系譜を画像データから作成するという問題を考えると分かりやすい。細胞分裂が進めば進むほど細胞数が増加し密になる。また発生の初期段階ですべての細胞で分裂が同期し存在する細胞はほぼ完全な複製であるため、短時間ですべての細胞で視覚的な差異がない。この特徴のため、視覚的に類似した近隣の別の対象物を多くの粒子が探し当てることで追跡対象誤認の問題が起こり、密に存在する多数の対象物の同時追跡が非常に困難となる。

本研究で、3次元動画像内の数十から数百個程度の細胞を同時追跡するための方法を提案する。上記の追跡誤認の問題を回避するため、標的細胞群の共変動および相対位置の情報をマルコフ確率場でモデル化することにより利用する。また、マルコフ確率場推定のための効率のよいアルゴリズムを提案する。最後に提案手法をシミュレーションデータに適用することで、提案手法の性能評価を行う。

2. 手法

本研究で、多数の細胞領域追跡のための追跡アルゴリズムを提案する。まず、多数の細胞の共変動および相対位置の保存をマルコフ確率場によりモデル化する。一般的に複数の標的にマルコフ確率場を仮定した場合、マルコフ連鎖モンテカルロ法を用いて推定できる [Khan 04]。この場合、高い追跡精度を得るためには3次元動画像の各フレーム毎に状態分布を分布収束させる必要があるため実行速度が問題となる。実行速度を犠牲にすることなく高い追跡精度を得るために、本研究では標的群に仮定するマルコフ確率場を木構造に制限し、木構造のルートに対応する標的から順に、共変動および相対位置保存を考慮した粒子フィルタにより追跡を行うというアプローチを取る。マルコフ確率場に対する木構造は、標的群の初期配置情報から最小全域木を構成することで自動的に構築する。

連絡先: 広瀬修, 金沢大学, 石川県金沢市角間, 076-234-4839, hirose@se.kanazawa-u.ac.jp

3. 実験

提案手法の性能評価のため、シミュレーションデータによる数値実験を行った。実験に利用するデータの解像度を $512 \times 256 \times 20$ 、フレーム数を 500、標的数を 100 として、以下の手順を 5 回繰り返すことにより 3 次元動画画像を 5 種類生成した。

- 標的群の初期配置を画像空間における一様分布により生成した。標的の強い重なりを避けるため、標的間の距離が標的の半径以下になった場合は再度標的を生成した。
- ルートノードに対応する標的の位置を、自己回帰係数行列を $0.7I$ 、ノイズの共分散行列を $diag(9, 9, 1)$ とする 3 次元ベクトル自己回帰モデルにより生成。
- 残りの 99 個の標的の位置を、標的間の共変動による影響と相対位置保存による影響が平均的に 7:3 となるように生成。標的位置に変動を与える共分散行列を $diag(9, 9, 1)$ とした。
- 半径が 4.5 ボクセルの点拡がり関数を用いて、生成された標的の位置に 3 次元球体画像を生成。
- 標的の消滅を考慮するため、フレーム毎に各標的を確率 0.03 で消滅させた。

この手順により生成された 5 種類のデータに対し、標準的な粒子フィルタと提案手法を 20 回ずつ適用した。図 1 は、このうち 1 回の試行における粒子フィルタおよび提案手法の平均誤差の時系列プロットである。標準的な粒子フィルタの誤差はフレーム数が増加するにつれ大きくなっていく一方、提案手法の誤差は全フレームにわたって比較的小さく安定している。このことは、標準的な粒子フィルタに比べ提案手法では追跡誤差が以降のフレームに引き継がれにくいことを示している。

表 1 は、5 種類のシミュレーションデータそれぞれに対する 20 回の試行の平均の追跡失敗回数をまとめたものである。追跡の失敗は正解位置と推定位置の距離が標的の半径以上、すなわち 4.5 ボクセル以上である場合とした。ただし、追跡失敗が次のフレームに引き継がれた場合には失敗回数を増加させず、再び追跡に成功しその後失敗した場合には失敗回数を増加させた。表から、提案手法では粒子フィルタ手法に比較して失敗回数が非常に小さいことが分かる。

4. 結論

本研究で 3 次元動画画像から多数の細胞領域を追跡することを課題とした。3 次元細胞動画画像には、追跡対象となる細胞が密に存在し視覚的に類似しているという特徴がある。そのような動画画像データ内の全ての細胞領域を追跡対象とする場合、

表 1: 500 フレームにおける平均の追跡失敗回数。平均は 100 個の標的および 20 回の試行に対して計算された。

データ	粒子フィルタ	提案手法
1	25.41 (0.441)	2.12 (0.047)
2	28.17 (0.451)	1.03 (0.052)
3	31.23 (0.483)	2.76 (0.065)
4	27.28 (0.448)	1.53 (0.039)
5	26.08 (0.498)	4.67 (0.046)

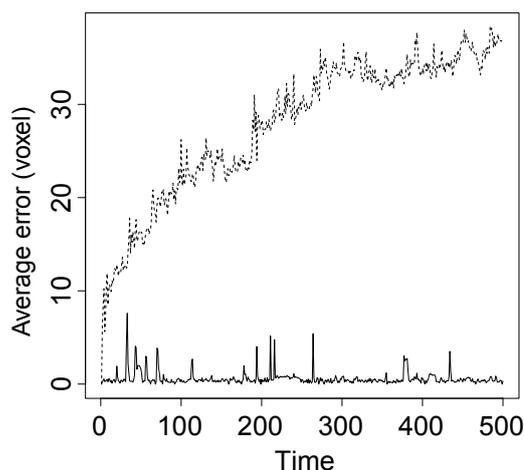


図 1: 追跡誤差の時系列プロット。追跡誤差は 100 個の標的に対する平均誤差とした。実線が提案手法、破線が標準的な粒子フィルタを表す。追跡誤差は、単位をボクセルとして 100 個の標的の正解位置からの平均二乗誤差の根号で定義した。

標準的な追跡手法である粒子フィルタは、ひとつの追跡対象である細胞をその近くに存在する別の細胞と誤認し、容易に追跡に失敗する。一方で、細胞動画画像には、追跡精度の向上に役立つ別の特徴がある。動画内の多くの細胞が共変動し、細胞間の相対位置が概ね保存されるという特徴である。

上記の問題を克服するために、本研究において標的間の共変動および相対位置保存を表現するマルコフ確率場を設計した。また仮定されるマルコフ確率場が木構造であるという制約を置くことで、標準的な粒子フィルタと遜色のない高速性を維持しつつ高い精度での追跡を可能にした。今後は、多様な 3 次元動画画像に対し適切な予測モデルを設計し、提案手法の応用可能性を広げることを目指す。例えば、細胞分裂中の染色体に対する動画画像への対応が挙げられる。細胞分裂中の染色体は複製、分裂し、また経時的に形状変化するため、追跡は非常に困難な課題となりうる。この動画画像のような多様なデータに対し、提案手法は有用な追跡アルゴリズムの候補となりうると期待している。

参考文献

- [Jeon 13] Jeon, J. E. et al.: Multiple ROI Selection Based Focal Liver Lesion Classification in Ultrasound Images Expert Systems with Applications (2013).
- [Khan 04] Khan, Z. et al.: An MCMC-Based Particle Filter for Tracking multiple interacting targets, Proceedings of the 8th European Conference on Computer Vision (2004).
- [Smal 08] Smal, I. et al.: Rao-Blackwellized Marginal Particle Filtering for Multiple Object Tracking in Molecular Bioimaging, Information Processing in Medical Imaging (2007).