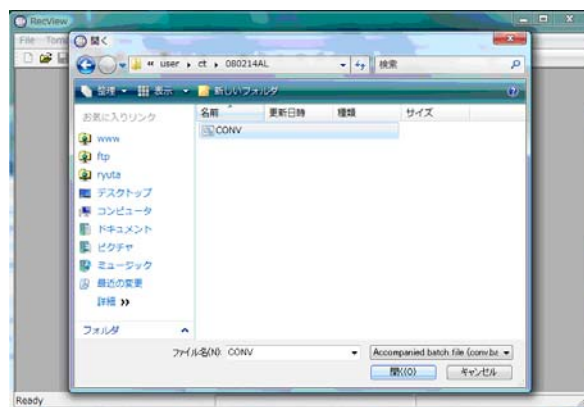
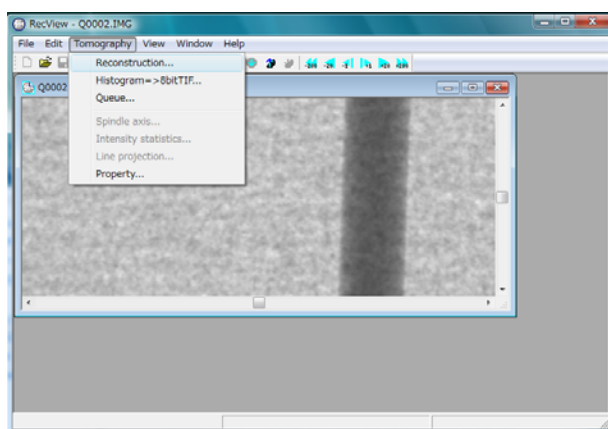


再構成計算

1. RecView (<https://github.com/mizutanilab/RecView>)を起動する。
2. 【img 形式の場合のみ】メニューより File→Prepare files...を選び、データフォルダにある conv.bat を開く。これによりブランク像が平均化され、ファイル名が書き換えられる。エラーが出る場合は元のファイルを修正しなくてはならない。

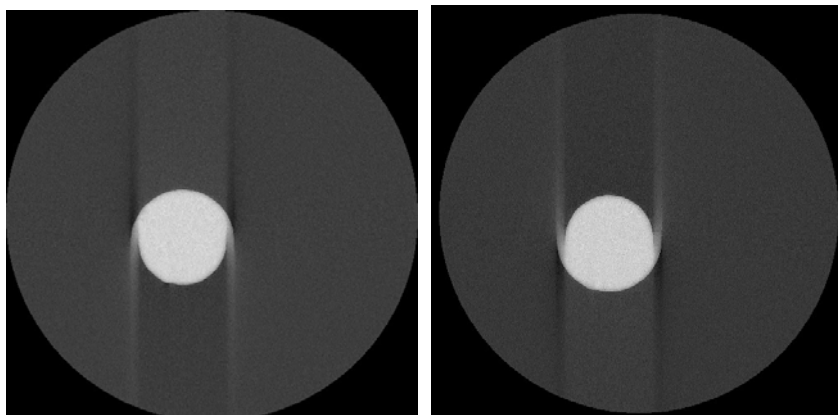


3. メニューより File→Open を開いて、データフォルダの試料画像（his 形式では a.his、img 形式では q0002.img）を開く。その後メニューより Tomography→Reconstruction...を開く（下図）。



4. その中の **Pixel width** 欄にピクセル幅を入力する。複数のデータセットを含む his 形式の場合は、**Dataset** を指定する（右図①）。
5. 必要に応じて、オフセット C T などの他の設定も行う。
6. **From** 欄の **Layer**（右図②）に、試料の上端の y 座標を入れて、**Show image** ボタン（右図④）を押す。
7. しばらくして再構成像が表示される。鮮明な再構成像が得られていれば、手順 9 に進んでよい。下図のように画像が乱れる場合は、手順 8 を行う。

8. 【オプション】**Rotation center** を調整する。得られた像が下図左のように、下に流れる形になっていれば、**Rotation center** の値を大きくする。図右のように上に流れる形になっていれば、**Rotation center** の値を小さくする。その後、**Show image** ボタンを押し、再構成像を更新する。これを繰り返して鮮明な再構成像が得られれば、測定は成功している。どうしてもできない場合は、乱れが最も小さくなる点を探すことで対応する。




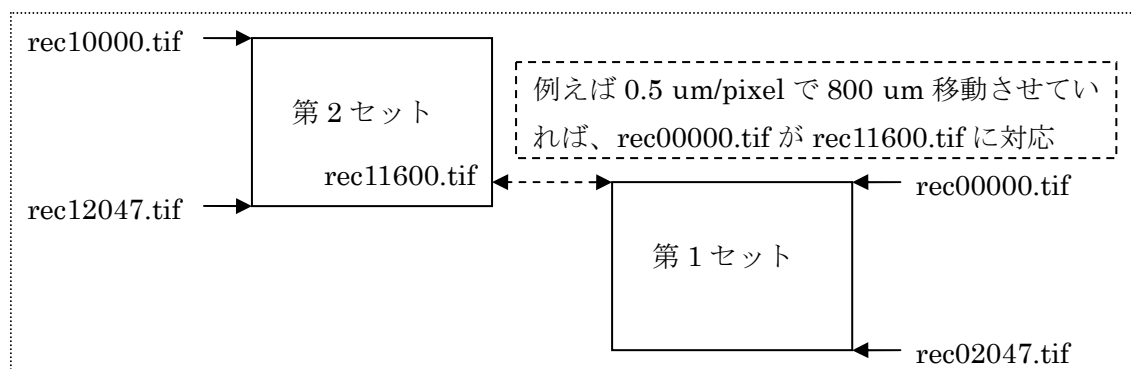
Offset CT の場合はこれとは異なる。試料回転中心を・で表すと、画像が＜・＞の感じになっている場合は、**center** の値を小さくし、＞・＜の場合は大きくするように調整する。

9. 【オプション】画像の面内の向きを調整する場合は、**Tilt angle** に補正角を入れて **Show image** ボタンを押す。
10. 同様に **To** 欄の **Layer** に、試料の下端の y 座標を入れて、**Show image** ボタンを押すと、しばらくして再構成像が表示される。再構成像が乱れているようならば、上と同じ方法で調整する。鮮明な像が得られていれば、次に進んでよい。
11. 【試料が視野より小さい場合】試料周りに余裕をもって断層像を得たい場合は、**From** 欄と **To** 欄の y 座標を、それぞれ試料上端より上の位置、または下端より下の位置に変える。その際に、**center** の値が **From** と **To** で大きく異なる場合には、直線で外挿する。

12. Queue ボタンで再構成の実行を予約する。
13. File→Close all で OK とする。保存するかどうか聞かれた場合も、全て保存しなくて良い。他にも再構成計算が必要なデータセットがあれば、手順 2 に戻る。
14. メニューより Tomography→Queue...を開いて、Start とする。枚数やピクセル数により、データセットあたり数十分～数時間かかる。

複数データセットの重ね合わせ

15. ひとつの試料で、測定位置を移動させながら複数のデータセットを測定している場合は、以下の手順で重ね合わせ位置を決める。そうでない場合は「データ圧縮」に進む。
16. Tomography→LSQ fitting を開く。
17. おおよその位置がわからない場合は、まず a.his などの試料画像から、同じ画像になるはずのフレームの見当をつける。通常は試料をせり上げながら測定するので、第 1 データセットの上端と、第 2 データセットの下端が同じになるはずである。それらの再構成画像 recXXXX.tif を開き、ツールバー  のボタンで前後させながら、最も近い画像となるペアを決める（下図）。

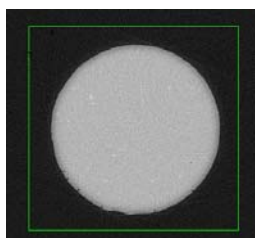


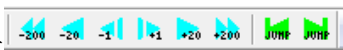
18. それぞれのデータセットでそのペアから始まる 5 枚を重ね合わせる。Reference image には Browse から第 1 データセットの上端の 5 枚を選択する（上の例では rec00000～00004）。同様に Query image には第 2 データセットの下端の 5 枚を選択する（上の例では rec11600～11604）。
19. 最も近い画像のペア（上の例では rec00000 と rec11600 など）で、特徴的な構造位置にマウスのポインタをもっていき、ウインドウ下に表示される(x y)座標を確認する。7 ピクセル以上ずれている時は、Scan range の x と y をズレを含むように設定する。
20. Queue として実行を予約する。直ちに実行したい場合は Start としてもよい。
21. 他にも計算が必要なデータセットがあれば、手順 16 に戻る。
22. メニューより Tomography→Queue...を開いて、Start とする。データセットあたり数分かかる。
23. 重ね合わせ位置の結果は Queue の各行の先頭に(x y z)として表される。この値は、デー

タセットのフォルダに **recviewlog.txt** というファイルとしても記録される。例えば(-105 1)のように **Scan range** の端になっている場合は計算がおかしいので、再度検討すること。これらの値を使って、以下のデータ圧縮で **Trimming box** を指定する。例えば、第1データセットで **center** の値 (x0, y0) として **box** を決めたとする。このとき、次の第2データセットの処理には、重ね合わせ結果の **x, y** の値を(x0, y0)に足し合わせて、(x0+x, y0+y) とすることで、水平方向の位置を補正できる。

データ圧縮

24. 次に再構成像の 8 bit 変換を行う。メニューより **File→Open** で、再構成で求めた **recXXXX.tif** の初めの 1 枚を開く。
25. マウス左ボタンを押したまま動かすと緑のボックスが出るので、サンプル像が完全に囲まれるようにする (下図)。

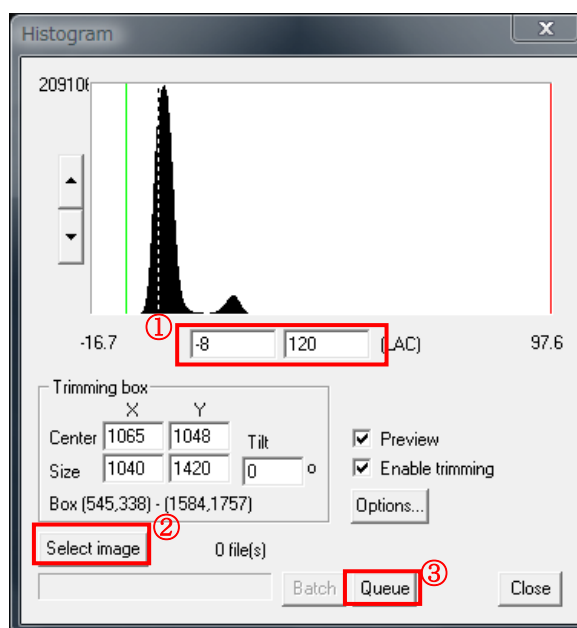


26. ツールバー  のボタンで他の像も見れる。全ての断層像でサンプルが余裕を持って緑ボックスに収まるように調整する。データセット間を移るときは、「jump」矢印を使う。最後に、コントラストの良い画像を表示しておく。

27. メニューより **Tomography → Histogram=>8bitTIF...**を開く。グラフの下 **LAC** の欄 (右図①) に値を入れて画像をみる。グラフ中の緑と赤の線の範囲が出力されるので、-8~56 や-16~112 など、2進数でキリのいい幅を入力する。

28. 【オプション】キャピラリのピクセルを削る場合は、キャピラリの厚みと強度を調べておき、**Options** を開いてそれぞれ厚み **Depth** と強度 **LAC threshold** を設定して **OK** とする。

29. 【オプション】複数のデータセットを重ね合わせる場合には、手順 15~23 を参照して **Center** の値で(x y)方向を補正する。z 方向の補正は、次の手順のファイル選択



で対応する。

30. Select image (右図②) から変換したいファイルを選択する。
31. Queue (右図③) で実行予約をする。
32. File→Close all で OK とする。保存するかどうか聞かれた場合も、全て保存しなくて良い。他にも同様の処理が必要なデータセットがあれば、手順 24 に戻る。
33. メニューより Tomography→Queue...を開いて、Start とする。枚数やピクセル数により数分～数十分かかる。キャピラリを削っている場合は、うまくいかないと Queue で ****Truncated****などの表示が出る。
34. File→Close all で閉じる。全てのファイルは保存しなくてよい。
35. 【オプション】試料をシフトさせるなどで、複数のデータセットを重ね合わせる場合には、通し番号のファイル名に変換する。Tomography→Renumber files を開き、Browse で変換するファイルを指定する。試料をせり上げながら測定したデータセットでは、最後に測定したデータセットから順に指定する。上の例ならば、まず rec10000～11599 までを開き、次に rec00000～rec02047 を開く。Output は自動的に設定されるが、必要ならば変更する。全て指定したら、Start とする。
36. File→Exit で終了する。

再構成像の表示と検討

1. デスクトップ上の「vgstudiomax20」を起動する。すでに起動していてデータが読み込まれているときは、「ファイル」→「新規作成」→現在のプロジェクト保存の窓で「いいえ」として、表示を消す。
2. 「ファイル」→「インポート」→「画像スタック」を開く。
前のデータセットのファイルが選択されている場合は、「全て削除」とする。
「追加」からファイルを選択する。
一度に選択できるファイル数は 4500 ぐらいが限度なので、それより多いときは、試料の上部から順に、何度かに分けて行う。
roXXXXX.tif の名前でデータセットごとに分かれている場合は、一番上部のデータセットのファイルから順に指定する。例えば、サンプルをせり上げながら測定した場合ならば、最後に測定したデータセットから順に読み込む。
3. 「次へ」→「次へ」とし、スキップセレクションの画面にする。必要メモリがおおよそ 2.5 GB を超えているときは、スキップの XYZ を均等に 1 あるいは 2 などとして、必要メモリ量を減らす。
4. 「完了」とする。読み込まれるまで、しばらく待つ。
5. 背景で右クリックし、「バックグラウンドの色の設定」を開く。「一色べた塗り」を選択し、「バックグラウンドの色」は白にする。「OK」とする。
6. 構造を検討する。

向きを変えるには、構造表示の画面で、マウス左ボタンを押下しながら動かす。

拡大縮小は、右側の「視野角」で行う。

描画方法を変える場合は、右側の「描画設定」を「ボリュームレンダラー（スキャターH Q）」などに変えて描画を待つ。グラフを操作すれば、表示強度を調節できる。

ノートに、データ名と簡単なコメントを記録する。

評価項目：細胞体、ネットワーク、**debris**、血管、その蛇行、脳表があるか、キャピラリの残り、**void**、しゅう曲、など

7. 構造を良く表すように表示して、ファイル→「画像を保存」で「保存...」とし、データのあるフォルダを選び、ファイル名は「データ名 **fig01**」などとし、「ファイルの種類」は「BMP 画像」として保存する。
8. 別の構造を検討するときは手順 1 に戻る。
9. 「ファイル」→「終了」→「いいえ」として閉じる。