

キクの花の構造推定のためのCT画像セグメンテーション

松本 壮史^{1,a)} 内海 ゆづ子^{1,b)} 小塚 俊明^{2,c)} 岩村 雅一^{1,d)} 黄瀬 浩一^{1,e)} 中井 朋則^{3,f)}
山内 大輔^{3,g)} 唐原 一郎^{4,h)} 峰雪 芳宣^{3,i)} 星野 真人^{5,j)} 上杉 健太郎^{5,k)}

概要: 植物の器官発生の調査のためには対象の植物の構造把握が必要であり、CT計測によって非破壊的にサンプルの3次元構造を観察する方法がとられている。本研究は観察対象をキクタニギクの花とし、CTデータから自動的に器官を抽出することで3次元構造を把握することを目的とする。そのため、花を構成する器官である小花、花床、総苞を自動的にセグメンテーションする。しかし、キクタニギクのCTデータから断面を切り出す位置によって器官の形状は大きく異なる。またキクタニギクは生育段階によって器官の形状が変化するため、セグメンテーションの精度が低下する恐れがある。本研究では、器官の形状の変化を抑える断面の切り出し方法と学習データの拡張により、これらの問題に対処する。実験の結果、提案手法による切り出し方法によって花床、小花のセグメンテーション精度が向上した。また、データ拡張によって学習データと異なる生育段階のサンプルのセグメンテーション精度が改善した。

1. はじめに

植物の器官発生の調査は、植物の形態形成のメカニズムの解明 [1] や、形成に関わる遺伝子の特定 [2] などを目的として行われる。器官発生の調査には対象の植物の構造把握が必要になる。従来はサンプルの分解によって構造の把握が行われていたが、個々の器官の詳細な形状が観察可能である一方で複数の器官からなる3次元構造は失われてしまうという問題があった。そのため、近年ではCT計測によって植物の3次元構造を非破壊的に観察する方法が取られている [3]。CTによって構造を把握するには、計測した

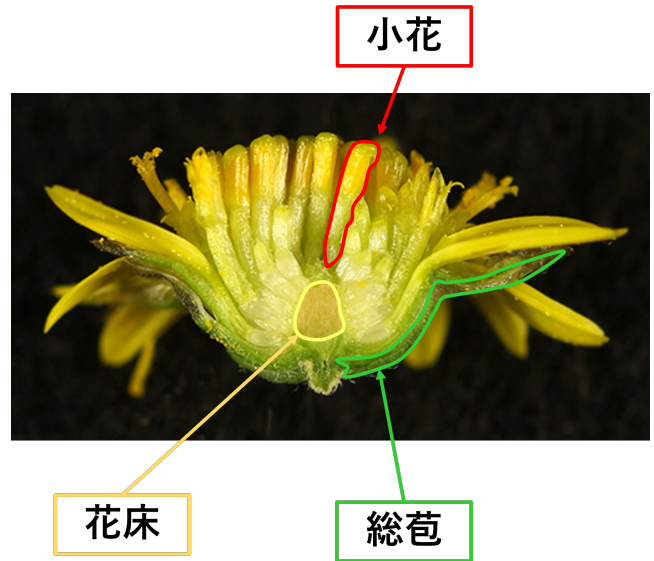


図 1: キクタニギクの器官配置

3次元CTデータから手動で器官を切り出しその位置を同定する必要があるが、非常に時間のかかる作業となる。

本研究では、植物の3次元構造の把握を容易にするため、自動的にCTデータから器官を抽出し、植物の3次元構造を推定することを目的とする。本研究ではキクタニギクを観察対象とする。図1にキクタニギクにおける花床、小花、総苞の器官配置を示す。3次元構造を把握するにはこれら3つの器官をインスタンスごとにセグメンテーションする必要がある。しかし、器官のインスタンスの判別に専門知識を要するため、十分な数の学習データを用意する

¹ 大阪公立大学大学院情報学研究科
Graduate School of Informatics, Osaka Metropolitan University
² 広島大学大学院統合生命科学研究所
Graduate School of Integrated Sciences for Life, Hiroshima University
³ 兵庫県立大学大学院理学研究科
Graduate School of Science, University of Hyogo
⁴ 富山大学理学部
Faculty of Science, University of Toyama
⁵ 高輝度光科学研究センター
Japan Synchrotron Radiation Research Institute
a) sb22799f@st.omu.ac.jp
b) yuzuko@omu.ac.jp
c) kozukat@hiroshima-u.ac.jp
d) masa@omu.ac.jp
e) kise@omu.ac.jp
f) nakait@sci.u-hyogo.ac.jp
g) dyamauch@sci.u-hyogo.ac.jp
h) karahara@sci.u-toyama.ac.jp
i) mineyuki@gc4.so-net.ne.jp
j) hoshino@spring8.or.jp
k) ueken@spring8.or.jp

のが困難という問題がある。またインスタンスごとの境界が曖昧な場合があり、セグメンテーション精度が低下する恐れがある。

そこで本研究では、3次元構造把握の第一段階として、これらの3つの器官の種類に分類するセマンティックセグメンテーションを目標タスクとする。近年、U-Net [4] や Mask R-CNN [5] といった深層学習によるセグメンテーションなどの画像セグメンテーション技術の進歩が著しく、セグメンテーションは容易に実現可能であるように思える。しかし、キクタニギクのCT画像には、セグメンテーション精度の低下を引き起こす問題が2つある。1つは、器官の形状が3次元CTデータから切り出された位置によって大きく異なる点である。物体のセグメンテーションでは、物体が画像上で同じような見えていることを前提としている。そのため、形状に一貫性がない器官はセグメンテーションの精度が低下することが予想される。もう1つの問題は、キクタニギクは生育段階によって器官の形状が変化する点である。特に、小花と呼ばれる器官は、成長により外側に向かって大きく伸長する。そのため、学習データと異なる生育段階のサンプルのCT画像をセグメンテーションした場合、精度が低下する恐れがある。

そこで、本研究では、CTデータから断面を切り出す位置によって器官の形状が大きく異なる問題に対し、花の中心と外側を結ぶ水平な線分である放射軸に沿って切り出すことで、断面ごとの器官の形状の変化を抑える。また、データ拡張により、生育段階が異なることによる器官の形状の変化にロバストなセグメンテーションを実現する。

2. 関連研究

本研究では、植物のCT画像の解析の自動化に、画像セグメンテーション技術を適用する。ここでは、この研究内容に関係する画像セグメンテーション、および植物を対象としたCT画像解析の事例について説明する。

2.1 画像セグメンテーション

画像セグメンテーションのタスクには、代表的なものにセマンティックセグメンテーションとインスタンスセグメンテーションがある。図2は、人が写った画像についてセマンティックセグメンテーションとインスタンスセグメンテーションにより得られる結果を比較したものである。セマンティックセグメンテーションでは、図2左のように、ピクセルごとに背景か人かのクラスラベルを割り当てているのに対し、インスタンスセグメンテーションでは図2右のように人をさらに個々のインスタンスに分割している。

セマンティックセグメンテーションの代表的手法にはU-Net [4], PSPNet [6] がある。U-NetはEncoder-Decoder

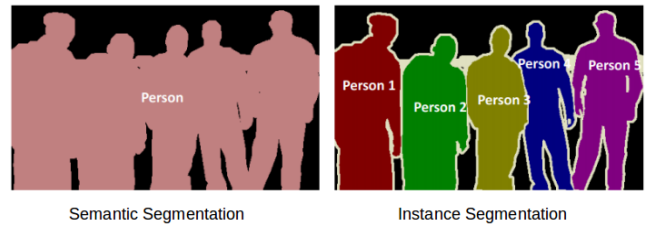


図2: インスタンスセグメンテーションとセマンティックセグメンテーションの違い*1

モデルのネットワークであり、Encoderでの特徴マップをDecoderでチャンネル方向に接続し畳み込むことで高解像度の情報の喪失を低減している。PSPNetはPyramid Pooling Moduleの導入により、画像の大域的情報と局所的情報とともに用いて高精度でのセグメンテーションを達成している。インスタンスセグメンテーションの代表的手法にはMask R-CNN [5] がある。Mask R-CNNは特徴抽出部から得られた特徴マップから前景として検出する領域を決定したあと、領域内のインスタンスのクラス分類、セグメンテーション、インスタンスを囲むバウンディングボックスの位置予測を同時に行う。

近年では深層学習による様々なセマンティックセグメンテーション手法が開発されている。しかし事例ベースの深層学習に基づくセマンティックセグメンテーションでは、学習データと画像の見え目が異なるとセグメンテーション精度が低下する。そのため、Cityscapes [7], PASCAL-Context [8] といった大規模なデータセットでの学習や効果的な学習データの拡張方法の調査 [9] などによって精度の向上が図られている。

2.2 植物のCT画像の解析

植物のCT画像を対象とした研究には、Tracyらの研究 [3], Mathersらの研究 [10] がある。TracyらはCT画像およびCT画像より作成した3次元モデルによって花の生育環境を破壊することなく内部の形態情報を収集した。Mathersらは、トマト、稲といった複数の植物の葉について、CT画像から気孔率の計算と空洞の大きさの可視化を行った。しかし、これらの研究は本研究で行っているようなCT画像から器官の切り出しはしていない。

植物のCT画像の自動セグメンテーションには、Wuらの研究 [11], Teramotoらの研究 [12] がある。Wuらは植木鉢に植えられた稲のCT画像から茎を3次元的に抽出し、稲の倒伏に対する強度の定量評価方法を提案した。Teramotoらは、植木鉢のCT画像から地中の稲の根を自動的に抽出し、根の3次元構造を可視化した。しかし、これらの研究は、周囲の環境を含むCT画像から植物を前景として抽出する2クラス分類のセグメンテーション問題を解いており、植物から器官をセグメンテーションする本研究とは扱っている問題が異なる。

*1 <https://www.analyticsvidhya.com/blog/2019/04/introduction-image-segmentation-techniques-python/>

3. 提案手法

提案手法である画像の切り出し方法とデータ拡張について説明する。形状の変化を抑えるために、花の放射軸に沿った断面で画像を切り出す。また、学習データの拡張として、画像に対し左右反転と幾何的変換を適用する。

3.1 画像の切り出し方法

図3にキクタニギクのCTデータから水平に切り出した断面画像と断面画像における器官の配置を示す。キクタニギクには図3(b)に黄色で示した花床と呼ばれる器官が存在し、花床の周りには赤色で示した小花と呼ばれる器官が大量にある。さらにその外側を緑色で示した総苞が取り囲んでいる。花床は円錐形の器官で回転対称であり、さらに花全体も花床の回転対称軸を中心としておよそ回転対称となっている。そこで、花の放射軸に沿って断面を切り出すことにより、切り出す位置が異なっても器官の形状の変化が抑えられる。

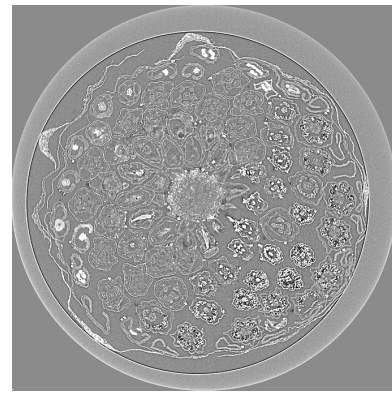
図4に切り出し方の概略を示す。図4(a)のキクタニギクの3次元CTデータの緑の円は、キクタニギクを囲む円柱の底面を表す。器官の形状の変化が大きい切り出し方法と提案手法の切り出し方法を3次元データの上から見た様子がそれぞれ図4(b), (d)であり、赤線が断面を切り出す方向を示す。(b)の赤線の方向で異なる位置で切り出された2枚のスライス画像が(c)であり、(d)の赤線の方向で異なる位置で切り出された2枚のスライス画像が(e)である。(c), (e)を比較すると、提案手法での切り出し方法では、(b)と比較して断面ごとの器官の形状の変化が小さい。

3.2 データ拡張

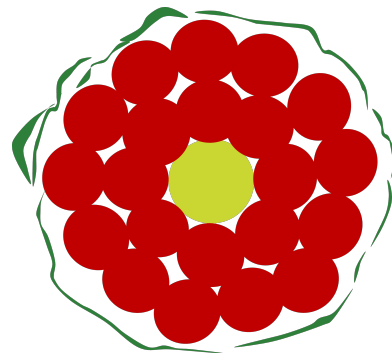
上述の通り、本研究でのアノテーションデータは数が限られていることから、データ拡張を行うことで、学習データの数を増やし精度向上を目指す。データ拡張には左右反転と回転、平行移動、拡大縮小の幾何的変換を適用する。平行移動については、画像の縦のサイズの0%から20%まで、横のサイズの0%から20%まで、ランダムな画素数移動させる。回転は画像の中心を軸とし、時計回りを正として-30度から30度までランダムな角度適用する。拡大縮小は、最近傍補間によって75%から200%までランダムな倍率で適用する。回転、平行移動、縮小を適用した場合にできる画像中の余った領域は、学習データに含まれる画像の画素値の平均で埋める。

4. 実験

提案手法で述べた画像の切り出し方法、およびデータ拡張の有効性を検証するために実験を行った。実験に用いたキクタニギクの試料の作成方法、実験に用いたデータセット、実験条件と結果について述べる。



(a) キクタニギクのCTデータを水平に切り出した断面CT画像



(b) 断面の器官配置，黄色が花床，赤が小花，緑が総苞を表す。

図3: キクタニギクのCTデータを水平に切り出した断面画像と各器官の配置

4.1 データセット

実験にはキクタニギクのサンプルのCTデータを4つ用いた。サンプルはそれぞれ生育段階が異なる。サンプル1, 2が同程度成熟した個体であり、サンプル3は1, 2と比較して未熟な個体であり、サンプル4は4つのサンプルのうち最も未熟な個体である。撮影対象の試料の作成手順を表1に、サンプルの断面のCT画像を図5に示す。CT画像は大型放射光施設SPring-8のビームラインBL20B2のハッチ1で撮影された。撮影原理とシステムはUesugiらの手法[13]による。Yamauchiらの研究[14]の撮影条件において、X線エネルギーを15 keVに設定し、キクタニギクのCT画像を撮影した。CTデータの解像度は、サンプル1, 2, 3, 4それぞれについて、 $2048 \times 2048 \times 1689$ ピクセル、 $1836 \times 1850 \times 1778$ ピクセル、 $1123 \times 1090 \times 920$ ピクセル、 $926 \times 944 \times 996$ ピクセルであり、1ピクセルあたりの大きさは $2.75 \mu\text{m}$ であった。

サンプルそれぞれに対し、花の放射軸に沿って切り出したある断面から15度ずつ回転させた位置で断面を切り出し、12枚のスライス画像を作成した。切り出したスライス画像の解像度はサンプル1, 2, 3, 4ごとにそれぞれ 1024×827 ピクセル、 925×875 ピクセル、 823×696 ピクセル

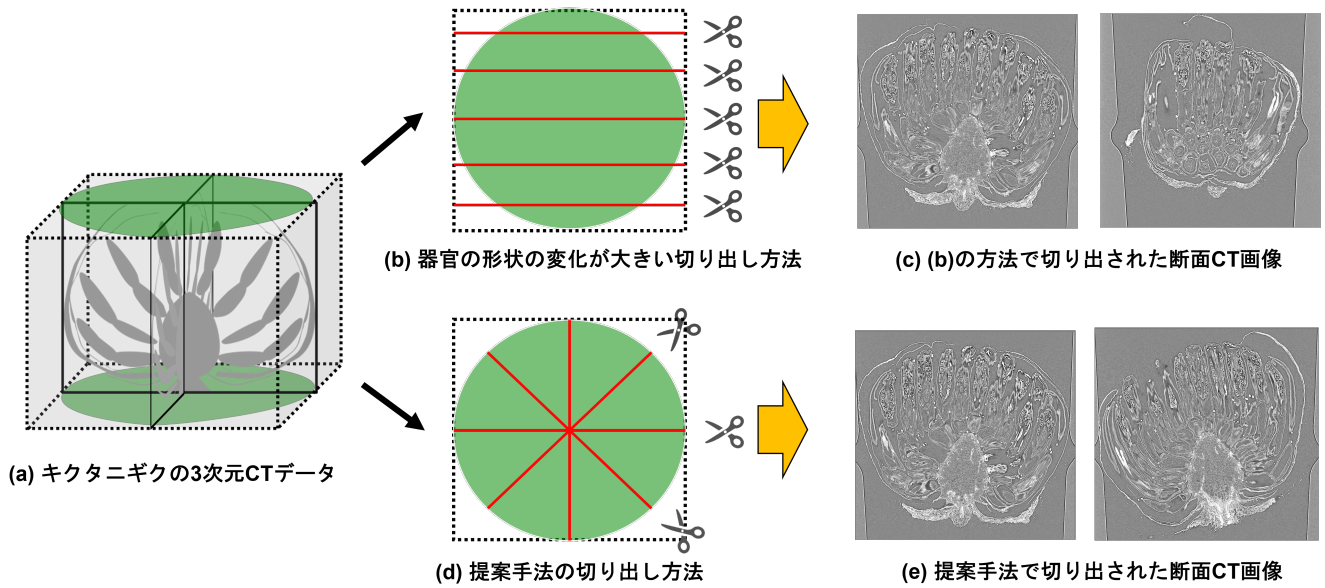


図 4: スライス画像の作成方法の比較

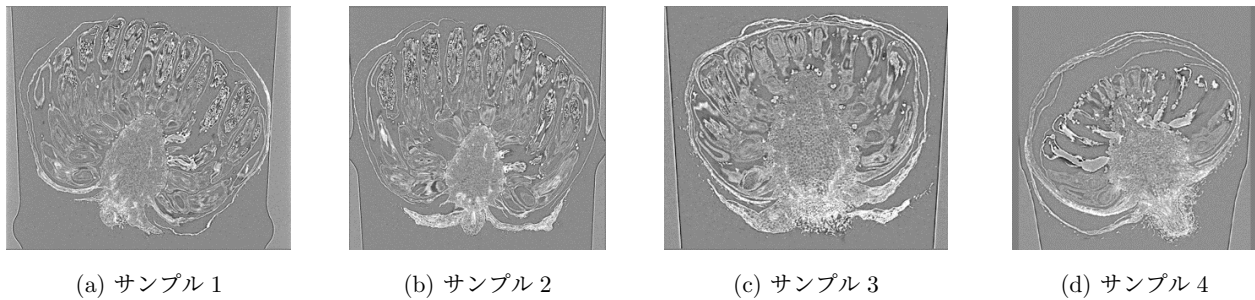


図 5: 実験に用いたキクタニギクのサンプルの CT 画像

表 1: CT の撮影対象の試料の作成手順

手順番号	手順工程
1	採取した試料を 90%アセトン水溶液に入れて氷上で脱気処理して静置
2	PBS 緩衝液で洗浄
3	固定処理 (4%グルタルアルデヒド, 0.5%Triton-X100, 0.05M リン酸緩衝液) を 4°C で一晩行う
4	PBS 緩衝液で洗浄
5	オスミウム固定処理 (1%四酸化オスミウム, 0.05M リン酸緩衝液) を 4°C で一晩行う
6	PBS 緩衝液で洗浄
7	エタノールシリーズ (5, 10, 20, 50, 80, 90, 99.5, 100%) でエタノール脱水
8	t-ブチルアルコール置換 (25, 50, 75, 100%) を行う
9	-80°C で凍結
10	凍結乾燥処理を行う
11	撮影対象の試料の完成

ル, 880 × 878 ピクセルであった。また, 放射軸に沿った面と平行に, 花床の領域が小さくなる断面や小花の形状に変化が見られる断面などを選び, サンプルごとに 12 枚のスライス画像を作成した。これらの解像度はサンプル 1, 2,

3, 4 ごとに 1024 × 847 ピクセル, 918 × 891 ピクセル, 1123 × 993 ピクセル, 926 × 944 ピクセルであった。放射軸に沿って切り出した画像と平行に切り出した画像は解像度が異なるが, ネットワークの学習の際には同じ解像度にリサイズした。画像の切り出しには IMOD [15] を用いた。断面の切り出し位置によっては, 元の 3 次元 CT データに含まれる画素値からの補間によって新たにスライス画像を生成する必要がある。本研究では最近傍補間によって生成した。

4.2 実験条件

ネットワークには, 少数の学習データでの利用を想定して設計された U-Net を用いた。U-Net の Encoder 部分は ImageNet [16] で学習済みの VGG16 [17] に置き換え, Decoder 部分の重みはランダムに初期化した。誤差関数には Dice Loss を用いた。すなわち, セグメンテーションの予測結果 p と正解データ y について, 以下の関数 $L(p, y)$ で誤差を計算した。

$$L(p, y) = 1 - \frac{1}{4} \sum_{j=1}^4 \frac{2 \sum_{i=1}^N p_{ij} y_{ij}}{\sum_{i=1}^N p_{ij} + \sum_{i=1}^N y_{ij}} \quad (1)$$

ここで、 N は入力画像のピクセルの数である。 y_{ij} は入力画像の i 番目のピクセルの正解クラスラベルが j であるとき 1, そうでないとき 0 を取る。 p_{ij} は予測結果における i 番目のピクセルのクラスラベル j に対する確信度を表す。クラスラベルは背景, 小花, 総苞, 花床の 4 つであり, 1 から 4 がそれぞれのクラスラベルに対応した添字を表す。学習の際のバッチサイズは 10 とした。学習率は 10^{-4} とし, 最適化アルゴリズムには Adam を用いた。画像はグレースケールのため, 各画素値を 255 で割って正規化を行った。また, 学習時には入力画像を 512×512 ピクセルにリサイズし, 誤差計算時には正解データを 512×512 ピクセルにリサイズした。リサイズの画素値の補間には最近傍補間を用いた。

セグメンテーション精度の評価には Dice 係数を用いる。クラス c に対する Dice 係数 $DSC(c)$ は以下で計算される。

$$DSC(c) = \frac{2|P_c \cap Y_c|}{|P_c| + |Y_c|} \quad (2)$$

ここで, 集合 P_c はクラスラベルが c であると予測されたピクセルの集合, Y_c は正解データにおいてクラスラベルが c であるピクセルの集合を表す。ネットワークの出力は 512×512 ピクセルであるため, 精度評価時にも正解データを 512×512 ピクセルにリサイズした。

4.3 提案した切り出し方法の有効性の検証

提案手法で述べた切り出し方法で作成したスライス画像と, 放射軸に沿った面と平行に切り出したスライス画像を用い, 切り出す方法およびサンプルが同じ画像群内で Leave-One-Out 交差検証を行った。以降, 提案手法で述べた方法で作成した画像群をサンプル 1, 2, 3, 4 それぞれについて 1-A, 2-A, 3-A, 4-A とし, 平行に切り出した画像群を 1-B, 2-B, 3-B, 4-B とする。学習は 200 エポック行った。なお, 平行に切り出した断面については花床が存在しない場合があり, 花床を含むスライス画像について Dice 係数の平均を計算した。表 2 に器官ごとの Dice 係数の平均を示す。画像群 1-A, 4-A については総苞の検出精度が 1-B, 4-B と比較して低かった。しかし, その他の器官についてはいずれも提案手法の方法で切り出した画像群の検出精度が平行に切り出した画像群の検出精度と比較して高かった。特に, 花床の検出において提案手法での検出精度が大きく向上した。

4.4 データ拡張の有効性の検証

データセットに提案手法で切り出したスライス画像を用い, データ拡張がセグメンテーション精度に与える影響を検証した。まず, 提案手法の切り出し方法で作成したサンプルごとに 12 枚ある画像から, 左右反転によって 24 枚の画像を作成した。さらに回転, 平行移動, 拡大縮小の幾何的変換によって 1 画像あたり 100 枚の画像を作成すること

表 2: 切り出し方法の違いによる器官別の Dice 係数の平均

画像群	小花	総苞	花床
1-A	0.9532	0.8330	0.9696
1-B	0.9413	0.8333	0.9172
2-A	0.9559	0.8256	0.9720
2-B	0.9238	0.8126	0.8902
3-A	0.9426	0.8856	0.9690
3-B	0.9269	0.8781	0.9009
4-A	0.9334	0.8813	0.9576
4-B	0.8848	0.8980	0.8909

表 3: 異なるデータ拡張を適用した場合の Dice 係数のクラス平均

テストデータ	左右反転	左右反転+幾何的変換
サンプル 1	0.9103	0.9267
サンプル 2	0.9134	0.9365
サンプル 3	0.9056	0.9221
サンプル 4	0.8523	0.8984

で, サンプルごとに 2400 枚の画像を作成した。左右反転によって作成した 24 枚の画像と左右反転に加えて幾何的変換を適用した 2400 枚の画像をそれぞれ学習データに用い, 精度の比較を行った。左右反転によって作成した画像を学習データに用いる場合には 100 エポック, 左右反転に加えて幾何的変換を適用した画像を学習データに用いる場合は 5 エポックネットワークを学習させた。精度の検証は 3 サンプルを学習データに, 残り 1 サンプルをテストデータとする交差検証により行った。回転は画像の中心を軸とし, 時計回りを正として -30 度から 30 度までランダムな角度適用した。平行移動は, 入力画像の縦のサイズの 0% から 20% まで, 横のサイズの 0% から 20% まで, ランダムな画素数移動させた。拡大縮小は, 最近傍補間によって 75% から 200% までランダムな倍率で適用した。回転, 平行移動, 縮小を適用した場合にできる画像中の余った領域は, データ拡張前のもとの学習データセットに含まれる画像の画素値の平均で埋めた。表 3 に 5 回実験を行い, 花床, 小花, 総苞の Dice 係数のクラス平均を計算した結果を示す。幾何的変換によって全てのサンプルに対して検出精度が向上し, 特にサンプル 4 については大きく改善された。図 6 にデータ拡張に左右反転と幾何的変換を適用した場合のテストデータに対する検出結果を示す。誤ったセグメンテーションとなっている部分があるものの, 検出結果から大まかに各器官の位置の同定が可能となった。

5. まとめ

植物の器官発生の調査には対象の植物の構造把握が必要であり, CT 解析によってサンプルを非破壊的に観察する方法が取られている。しかし, 手動で CT データから器官を切り出し観察するのは非常に時間がかかる。本研究はキ

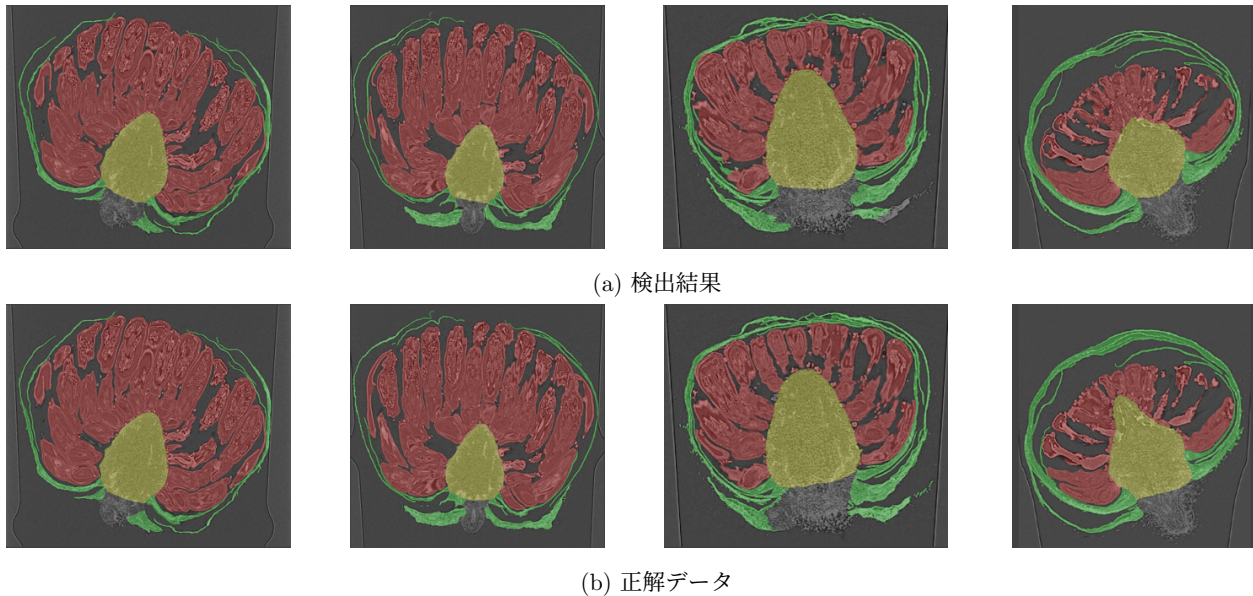


図 6: 左右反転と幾何的変換を適用した場合のセグメンテーション結果と正解データ

クタニギクを観察対象とし、3次元構造を把握することを目的とし、3次元構造把握の前段階として、小花、花床、総苞を自動的にセグメンテーションした。クタニギクのCT画像にはセグメンテーションの精度の低下の原因となる2つの問題があった。1つは3次元CTデータから切り出す位置によって器官の形状が大きく異なるという問題、もう1つは生育段階によって器官の形状が変化するという問題である。そこで本研究では、CT画像のセグメンテーションをロバストに行うため、形状の変化を抑える画像の切り出し方法、および学習データの拡張を提案した。実験の結果、提案手法での切り出し方法で小花、花床のセグメンテーション精度が向上した。また、データ拡張により、学習データと異なる生育段階のサンプルについて精度が改善し、見た目の変化にロバストなセグメンテーションが達成できた。今後の課題として、個々のインスタンスに分割するセグメンテーション手法の検討が挙げられる。

謝辞 X線CT観察はJASRI利用課題2018B1182で行った。本研究はJSPS科研費22H04732の助成を受けたものである。

参考文献

[1] 中山北斗, 山口貴大, 塚谷裕一: アスパラガス属植物に見られる新奇葉状器官の獲得とその形態の多様化, *PLANT MORPHOLOGY*, Vol. 25, No. 1, pp. 89–94 (2013).
 [2] 侑香角谷, 暢俊山口, 寿朗伊藤: 花の形づくりを決める遺伝子ネットワーク: シロイヌナズナ花研究のこれまでとこれから, *化学と生物*, Vol. 55, No. 9, pp. 602–610 (2017).
 [3] Tracy, S. R., Gómez, J. F., Sturrock, C. J., Wilson, Z. A. and Ferguson, A. C.: Non-destructive determination of floral staging in cereals using X-ray micro computed tomography (μ CT), *Plant Methods*, Vol. 13, No. 1 (2017).
 [4] Ronneberger, O., Fischer, P. and Brox, T.: U-Net: Convolutional Networks for Biomedical Image Segmen-

tation, *Proceedings of Medical Image Computing and Computer-Assisted Intervention*, pp. 234–241 (2016).
 [5] He, K., Gkioxari, G., Dollár, P. and Girshick, R.: Mask R-CNN, *Proceedings of the IEEE International Conference on Computer Vision*, pp. 2980–2988 (2017).
 [6] Zhao, H., Shi, J., Qi, X., Wang, X. and Jia, J.: Pyramid Scene Parsing Network, *Proceedings of the IEEE Conference on Computer Vision and Pattern Recognition*, pp. 6230–6239 (2017).
 [7] Cordts, M., Omran, M., Ramos, S., Rehfeld, T., Enzweiler, M., Benenson, R., Franke, U., Roth, S. and Schiele, B.: The Cityscapes Dataset for Semantic Urban Scene Understanding, *Proceedings of the IEEE Conference on Computer Vision and Pattern Recognition*, pp. 3213–3223 (2016).
 [8] Mottaghi, R., Chen, X., Liu, X., Cho, N.-G., Lee, S.-W., Fidler, S., Urtasun, R. and Yuille, A.: The Role of Context for Object Detection and Semantic Segmentation in the Wild, *Proceedings of the IEEE Conference on Computer Vision and Pattern Recognition*, pp. 891–898 (2014).
 [9] Nalepa, J., Marcinkiewicz, M. and Kawulok, M.: Data Augmentation for Brain-Tumor Segmentation: A Review, *Frontiers in Computational Neuroscience*, Vol. 13, No. 83 (2019).
 [10] Mathers, A. W., Hepworth, C., Baillie, A. L., Sloan, J., Jones, H., Lundgren, M., Fleming, A. J., Mooney, S. J. and Sturrock, C. J.: Investigating the microstructure of plant leaves in 3D with lab-based X-ray computed tomography, *Plant Methods*, Vol. 14, No. 1 (2018).
 [11] Wu, D., Wu, D., Feng, H., Duan, L., Dai, G., Liu, X., Wang, K., Yang, P., Chen, G., Gay, A. P., Doonan, J. H., Niu, Z., Xiong, L. and Yang, W.: A deep learning-integrated micro-CT image analysis pipeline for quantifying rice lodging resistance-related traits, *Plant Communications*, Vol. 2, No. 2 (2021).
 [12] Teramoto, S., Takayasu, S., Kitomi, Y., Arai-Sanoh, Y., Tanabata, T. and Uga, Y.: High-throughput three-dimensional visualization of root system architecture of rice using X-ray computed tomography, *Plant Methods*, Vol. 16, No. 1 (2020).

- [13] Uesugi, K., Hoshino, M., Takeuchi, A., Suzuki, Y., Yagi, N. and Nakano, T.: Development of fast (sub-minute) micro-tomography, *AIP Conference Proceedings*, Vol. 1266, No. 1, pp. 47–50 (2010).
- [14] Yamauchi, D., Tamaoki, D., Hayami, M., Takeuchi, M., Karahara, I., Sato, M., Toyooka, K., Nishioka, H., Terada, Y., Uesugi, K., Takano, H., Kagoshima, Y. and Mineyuki, Y.: Micro-CT observations of the 3D distribution of calcium oxalate crystals in cotyledons during maturation and germination in *Lotus miyakojimae* seeds, *Microscopy*, Vol. 62, No. 3, pp. 353–361 (2013).
- [15] James R. Kremer, D. N. M. and McIntosh, J. R.: Computer visualization of three-dimensional image data using IMOD, *Journal of Structural Biology*, Vol. 116, No. 1, pp. 71–76 (1996).
- [16] Deng, J., Dong, W., Socher, R., Li, L.-J., Li, K. and Fei-Fei, L.: ImageNet: A large-scale hierarchical image database, *Proceedings of the IEEE Conference on Computer Vision and Pattern Recognition*, pp. 248–255 (2009).
- [17] Simonyan, K. and Zisserman, A.: Very Deep Convolutional Networks for Large-Scale Image Recognition, *Proceedings of International Conference on Learning Representations* (2015).