

植物ゲノム・遺伝子源解析センター 月例セミナー

とき 平成28年11月30日(水)16時～17時

ところ 農学部 DS304講義室

題目 「生命科学研究者のための画像解析入門
--- ImageJ と LPX Plugins を例に --- 」

講師: 東京大学大学院新領域創成科学研究科 准教授、
エルピクセル(株)技術アドバイザー

朽名 夏麿 博士

概略:

イメージングは電子顕微鏡から人工衛星画像にいたるまでの幅広いスケールで、多様な生命現象の記録と理解に役立っている。今日では超解像顕微鏡やGFPのように撮影法と可視化法の進歩が目覚しく、私たち研究者が扱う画像の数は増し、種類も多彩化する一方である。画像を目で見て評価することや、手動での測定で長さなど基本的な形質を測ることは重要であるが、膨大化する生物画像を塩基配列や遺伝子発現情報等と同様に "ビッグデータ" として取り扱い、コンピュータによってその解析を効率化・自動化しハイスループットでバイアスの介在しない自動評価が可能になれば、新たな視点での高精度・大規模な研究開発の道が拓けると期待される。

私たちは主に細胞の蛍光顕微鏡画像を対象に、形、数、向き、流動等の測定のための多数の解析手法を解析してきた。その一部はフリーソフトウェア ImageJ 上で動作するプラグイン集 LPX ImageJ Plugins として現在公開している。本発表では、この LPX Plugins を例に基本的な生物画像解析の考え方や流れ、典型的な解析プロトコルを紹介する。

参考文献

朽名夏麿: 公開プラグインを用いた画像解析: LPX プラグイン集 in "ImageJ ではじめる生物画像解析, 三浦耕太, 塚田祐基 編" (2016) pp. 192-203. 学研メディカル秀潤社

Nagata K et al.: In vivo 3D analysis of systemic effects after local heavy-ion beam irradiation in an animal model. Scientific Reports 6 (2016): 28691.

Higaki T, Kutsuna N, Akita K, Takigawa-Imamura H, Yoshimura K, Miura T.: A theoretical model of jigsaw-puzzle pattern formation by plant leaf epidermal cells. PLOS Computational Biology (2016) 12: e1004833

Kutsuna N, Higaki T, Matsunaga S, Otsuki T, Yamaguchi M, Fujii H, Hasezawa S.: Active learning framework with iterative clustering for bioimage classification. Nature Comm. (2012) 3: 1032.

主催: 香川大学農学部 植物ゲノム・遺伝子源解析センター
(<http://www.ag.kagawa-u.ac.jp/phytogene/index.html>)