

# 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25年6月13日（木）16時～17時

ところ 農学部 DS304講義室

題目 「バイオイメージングのための画像解析：  
ImageJ プラグイン集 KBI」

講師 東京大学 大学院新領域創成科学研究科 助教

朽名 夏麿 博士

## 概略

バイオ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活用される。今日、撮影機器や可視化技術の進歩によって、生物画像の枚数はますます膨らみ多彩になっている。目で画像を鑑別し、手で形質を測定することは当然重要であるが、画像を塩基配列や発現情報をも凌ぐビッグデータとして捉え、計算機によって解析を効率化・自動化し、客観的でハイスループットな評価を実現することにより、新たな視点で高精度・大規模な研究開発が可能となる。我々はフリーソフトウェア ImageJ 上で動作するプラグイン集の形態で、立体再構築、動き測定、細胞状態の判別、個体の形質評価などのニーズに対し解析ソフトウェアの開発を進めている。その進捗を ImageJ での動作例を含め報告したい。

## 参考文献

- Kutsuna N, Hasezawa S.: Morphometrical study of plant vacuolar dynamics in single cells using three-dimensional reconstruction from optical sections. *Micro Res Tech.* (2005) 68: 296-306.
- Ueda H, Yokota E, Kutsuna N, Shimada T, Tamura K, Shimmen T, Hasezawa S, Dolja VV, Hara-Nishimura I.: Myosin-dependent endoplasmic reticulum motility and F-actin organization in plant cells. *Proc Natl Acad Sci USA.* (2010) 107: 6894-6899.
- Higaki T, Kutsuna N, Hosokawa Y, Akita K, Ebine K, Ueda T, Kondo N, Hasezawa S.: Statistical orgallele dissection of Arabidopsis guard cells using image database LIPS. *Sci Rep.* (2012) 2: 405.
- 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>)