

近年のバイオイメージング技術の発展により、ほとんどの生命現象は可視化され、画像データとして取得されています。生命システムの構成素子である細胞の個性や、細胞の集合体である個体の多様性を理解するためには、多種多様な画像から、いかに有益な情報を抽出し、それを定量的に表現するプロセスが必要となってきます。本研究室では、顕微鏡から得られる多次元情報を研究者が容易に理解することができる、画像処理・解析手法の開発を目指しています。

大規模画像データからの細胞動態情報の抽出・画像化

最近では蛍光イメージングで用いられるデータセットも大規模化が進んでいます。画像枚数で数万枚、容量で数十ギガバイトを超える大規模画像データでは、従来おこなわれてきた研究者の視覚と手作業に頼る分析の限界を超えており、新たな画像処理手法が必要です。そこで、大規模な画像データを数値計算処理を行うために独自に開発した解析プログラムを開発し、複数の細胞からのデータの自動計算と集計、解析結果の可視化の一連の処理を自動化をおこなっています(図1)。

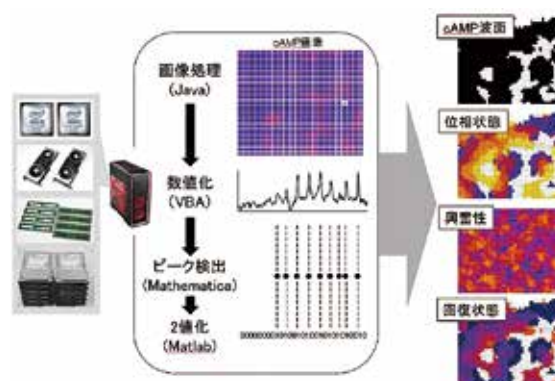


図1. 大規模画像データの画像処理スキーム例

マウス胚自動4次元細胞トラッキング方法の開発

初期胚の発生は、細胞が胚の中にもぐり込むダイナミックな集団移動・形態変化を伴う現象です。個々の細胞の挙動をイメージングデータから再構築、把握し、その集合体として、組織・個体を理解することは発生学の発展に必要なプロセスです。本研究では、既存のセグメント・トラッキングアルゴリズムが適用できない領域に存在する細胞集団を解析対象とし、その4次元トラッキング解析を可能とするアルゴリズムについて開発をおこなっています。

研究の個別性に対応したオーダーメイドな画像解析支援

生命科学におけるバイオイメージングの重要性が増加の一途をたどる一方で、画像解析技術の高度化が進み、研究者が画像情報を十分に活用することが困難となるジレンマが生じています。また、イメージング研究は大きな個性(分子/細胞/個体、2D/3D等)のため、その支援を困難なものとしています。私は、画像解析研究と蛍光イメージング支援業務の経験を活かし、それぞれに異なる研究者の実験目的を正確に把握し、適切な画像解析支援をおこなっていきたいと考えています(図2)。

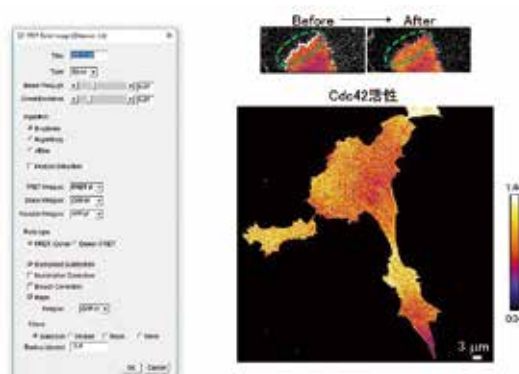


図2. FRET画像の処理・解析プラグイン

参考文献

- Ohta, Y., Furuta, T., Nagai, T., and Horikawa, K. (2018). Red fluorescent cAMP indicator with increased affinity and expanded dynamic range. *Sci Rep* 8, 1866.
- Ohta, Y., Kamagata, T., Mukai, A., Takada, S., Nagai, T., and Horikawa, K. (2016). Nontrivial Effect of the Color-Exchange of a Donor/Acceptor Pair in the Engineering of Förster Resonance Energy Transfer (FRET)-Based Indicators. *ACS Chem Biol* 11, 1816-1822.

特任助教
太田 裕作

