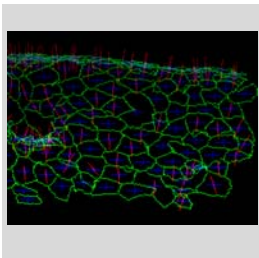


支援担当者らは、生物・医学画像データに特有の性質を考慮した画像解析アルゴリズムの開発並びに形状記述やモデリングのための数理理論の構築に関する研究を行っています。これらの研究・開発を通じ、画像が内包する情報の抽出と定量化、目視では検出困難な情報の顕著化、さらには複雑な情報の分かりやすい可視化など、生物・医学画像データ解析全般について支援を行います。また、多次元タイムラプス顕微観察などによる画像データの一括解析について技術支援を行います。

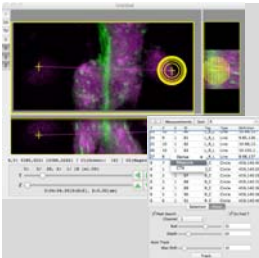


共焦点レーザー顕微鏡による上皮シートなどの4D 画像から、その表面を自由曲線モデルとして再構成するソフトウェアを用い、細胞の形状変化を計測します。

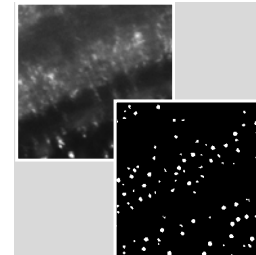
$$\delta_B(X) = \bigcup_{b \in B} X_b$$

$$\varepsilon_B(X) = \bigcap_{b \in B} X_{-b}$$

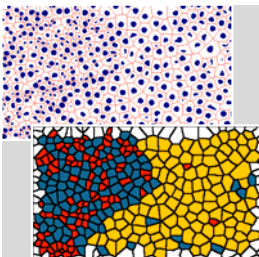
Mathematical morphology(数理形態学)を用い、対象の形状情報の抽出や定量解析を実現するためのアルゴリズムの開発を行います。



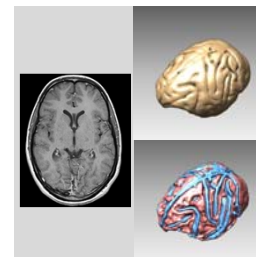
直観的に操作できるインターフェースを持つ独自開発のソフトウェアにより、機械的判断が困難な画像情報の抽出を容易に行うことができます。



画像データから、形状情報に基づいて解析対象を自動抽出することにより、その数や面積、輝度情報、局在の程度などの計測を支援します。



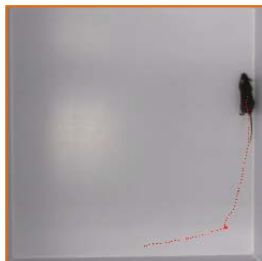
計算幾何学的な手法を用い、生体組織中の細胞などの密度や分布パターンの解析、ならびに定量的な記述・可視化に関する支援を実施します。



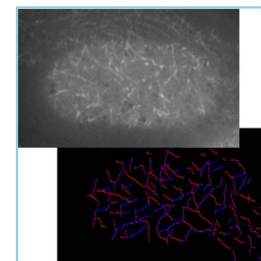
自動・半自動の画像セグメンテーションにより、解析対象の3次元再構築や複雑な構造特徴の抽出、ならびに3次元定量解析を支援します。



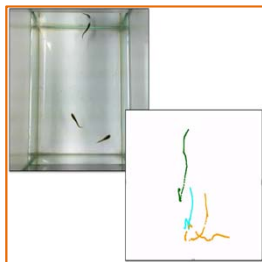
イメージング結果の画像処理による、生命現象の定量化および知識発見について支援致します。画像処理と一言で言っても、対象の性質と真の解析目的を見極める必要があります。ImageJなどの既存汎用ソフトウェアを使う場合にも、一般に複数の処理を段階的に組み合わせて実施する必要がありますし、またパラメータに関する知見も必要です。これらの点について画像情報学の専門家としてアドバイスが可能です。なお、支援内容によっては、目的に特化した手法を一からデザインし、その上でソフトウェアを新たに実装する必要性が生じるケースもあります。この場合、支援のレベルを一段深め、共同研究に切り替えていただくことで、対応できる可能性もあります。まずはご相談ください。



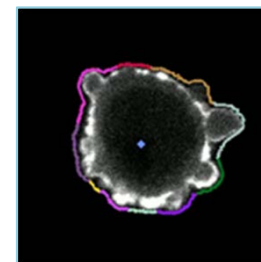
物体追跡は、バイオイメージ解析の頻出課題です。シンプルな処理でも十分実用に耐えるケースもあります。  
(左図：北大・鈴木教授との(マウス挙動解析に関する)共同研究)



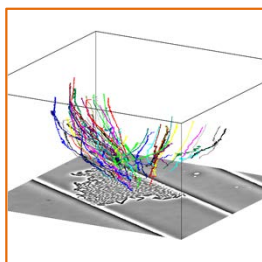
画像中の対象検出も頻出課題の一つです。対象の形状や輝度分布によって使うべき手法が大きく異なります。  
(左図：遺伝研・木村教授との(細胞質流動に関する)共同研究)



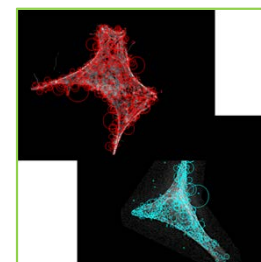
多物体を追跡する場合、一般に問題は急激に困難になります。実験条件を再考することで緩和できる場合もあります。  
(左図：基生研・渡辺准教授との(メダカ追跡に関する)共同研究)



対象の形状解析は、検出と記述という複合的な課題です。やはり形状に応じた解析指針および手法を考える必要があります。  
(左図：九大・池ノ内准教授との(Bleb解析に関する)共同研究)



対象が分裂増殖すればさらに追跡困難になります。このように対象追跡には幾つかのレベルがあります。ご相談ください。  
(左図：九大・花井准教授との(大腸菌追跡に関する)共同研究)



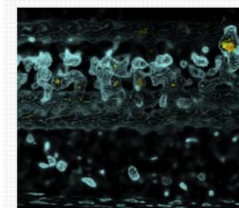
正常異常の区別や特定部位の同定に必要な、画像認識についても支援可能です。機械学習や特徴抽出についてもアドバイスできます。



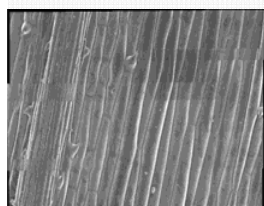
支援担当者らは、電子顕微鏡画像(TEM, SEM)を中心とした画像処理・解析・分析を行う為の画像処理システム(Eos)の開発を行っています。現状、500超の処理プログラムがあり、それらを組み合わせて、2次元画像の処理、3次元画像化、3次元画像からの情報抽出を行い、モデリングを進めることができます。今回の支援においては、我々が開発したソフトウェアだけではなく、他研究機関で開発が進んでいる電子顕微鏡用のプログラムの利用法に関する支援も実施する予定です。また、計算機資源を十分に持たない依頼者に対しては、当方のもつ計算機資源の利用した支援や、必要に応じて新たなアルゴリズム開発も行います。参考サイトは、次のサイトになります。<http://www.yasunaga-lab.bio.kyutech.ac.jp/EosJ/>



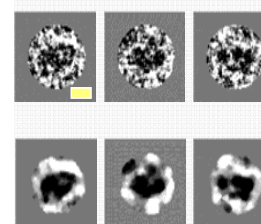
電子顕微鏡画像処理システムEosを開発しています。その情報を含めて、一般的な電子顕微鏡画像処理のためのWiki(Eospedia)を運用しています。



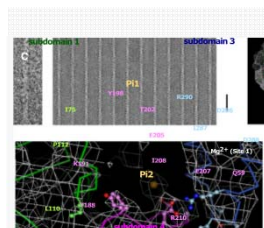
傾斜シリーズの写真から、3次元像を再構成する電子線トモグラフィも可能です。出てきた3次元像のノイズ除去もできます。



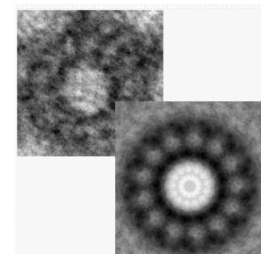
複数枚の電子顕微鏡画像(ここでの例は走査型電子顕微鏡像)を自動的につなぎ合わせて、広領域の画像を作り出すことを支援出来ます。



電子顕微鏡画像特有の画像の歪みとノイズを除去して、理解しやすい画像に変換しました。これは、ペプシンタンパク質の例です。

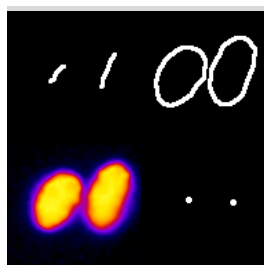


アクチン繊維のクライオ電子顕微鏡像から、サブナノメータの分解能の三次元構造を解析した例です。単粒子解析やその後のモデリングを支援できます。



微小管画像の中にある対称性に着目して、平均化、対称性の決定を行った例です。2D, 3D画像の中にある特定の構造を抽出することも支援できます。

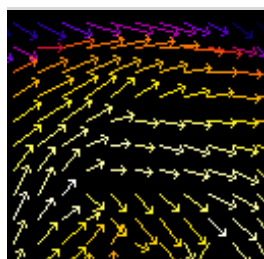
支援担当者らはこれまで細胞内構造を主なターゲットとして、可視化法(蛍光抗体染色法、蛍光タンパク質導入株の作出)の開発、蛍光顕微鏡・共焦点レーザー顕微鏡による撮像、下記に掲げる独自の画像解析ソフトウェアの作成等を一貫して行う研究体制を確立してきました。先端バイオイメージング支援プラットフォームの一角を担うにあたり、本支援班では上述の経験と知見を活かし、生物画像の特性ならびに研究者の目的に照らして相応しい画像解析手法を提案するとともに、撮像条件、生物学上の作業仮説、解析後の検定なども踏まえた総合的な解析支援を行います。



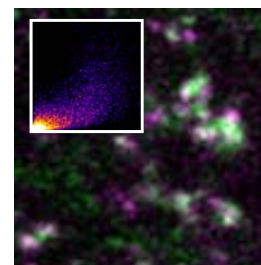
個体から細胞内構造に至るまで、幅広いバイオイメージングのターゲットに対して、自動計数や形態測定といった定量解析を支援します。



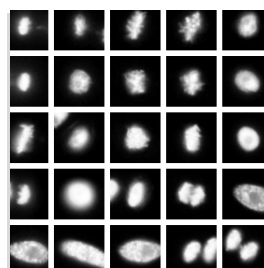
共焦点顕微鏡や多光子顕微鏡などを用いて得られた連続画像データからの立体再構築による3次元モデリングと立体情報の計測を支援します。



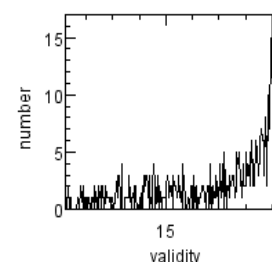
細胞やオルガネラの追跡、細胞内の流動の方向と流速の測定など、タイムラプス撮影で得られた動画・時系列画像データの解析を支援します。



組織や細胞の中に分布する蛍光標識した生体分子の局在・共局在につき、定量的な尺度による客観評価を支援します。



細胞周期、細胞種別、蛍光マーカーの局在位置などについて、多量に蓄積した画像データのクラスタリング解析やソフトウェアによる自動分類を支援します。



表現型解析における研究者の達観評価を代替する、客観性・再現性のあるハイスループットな自動スコアリング手法の開発を支援します。