

令和 5 年 6 月 12 日現在

機関番号：14301

研究種目：基盤研究(B) (一般)

研究期間：2020～2022

課題番号：20H03623

研究課題名(和文) in vivo MR顕微鏡による細胞レベルラジオミクス

研究課題名(英文) Radiomics approach to a human disease model of medaka by in vivo MR microscopy

研究代表者

上野 智弘 (Ueno, Tomohiro)

京都大学・医学研究科・助教

研究者番号：10379034

交付決定額(研究期間全体)：(直接経費) 14,000,000円

研究成果の概要(和文)：本研究では、高解像度MRIであるin vivo MR顕微鏡を、撮像時間の増加なしに高解像化して、ヒト疾患モデルメダカを経時的に可視化し、ラジオミクスの解析手法により抽出した画像パラメータの相関関係を時系列変化として捉えて疾患の機序を明らかにすることを旨とした。MR顕微鏡の多チャンネル化と圧縮センシングの導入により高解像度化を達成した。また、頭部の斑点パターンによる非侵襲的個体識別法を確立した。さらに、がん抑制遺伝子p53変異メダカの時系列の複合的な解析により、腎臓を起点とした病態進行のメカニズムを示唆する結果を得ることができた。

研究成果の学術的意義や社会的意義

In vivo MR顕微鏡は、ヒト疾患モデルメダカを生きたまま、経時的に個体ごとに可視化できる。そのため、遅発性の疾患などで個体ごとに発症や進行が異なっても、その個体差を考慮した解析が可能である。さらに、確立した個体識別法を用いて飼育環境を維持し、環境変化や侵襲的識別方の影響を排除することで、疾患の個体差をより抑制できる。加えて、高解像度化により、より詳細な病態解析が可能となった。また、経時的可視化による個体追跡は、動物愛護の観点からも重要である。さらに、がん抑制遺伝子p53変異メダカの解析で示唆された結果は、脊椎動物で様々な役割を担うp53に関わる医療技術や治療への貢献が期待される。

研究成果の概要(英文)：This research project was aimed at achieving a higher spatial resolution of in vivo MR microscopy without extending imaging time, and at monitoring an individual human disease model of medaka in a long term, and at investigating a disease process based on time-series analyses of correlations between extracted image parameters using a radiomics approach. The higher spatial resolution in in vivo MR microscopy was achieved by modifying the current MR microscope to a multi-channel system and introducing a compressed sensing approach. In addition, we established a non-invasive individual identification method based on dark spot patterns on the head of medaka. Moreover, multiple parameter analyses of a cancer suppressor gene p53 knock-out model medaka indicated a disease progression mechanism starting from kidneys.

研究分野：MRI物理学

キーワード：磁気共鳴映像法 小型魚類 ヒト疾患モデル 個体識別

1. 研究開始当初の背景

(1) in vivo MR 顕微鏡の開発とメダカヒト疾患モデルへの応用

ヒト疾患モデル動物での細胞の状態を in vivo で可視化するために、我々は、14.1 T の高磁場、4 T/m の傾斜磁場コイルを用い、高分解能の MRI である MR 顕微鏡の開発を行なっている。現在までに空間解像度 $34 \mu\text{m} \times 58 \mu\text{m} \times 58 \mu\text{m}$ が得られており、17.6 T の高磁場を用いた Kabli らによるゼブラフィッシュのヒト疾患モデルの MRI 画像の解像度 $78 \mu\text{m} \times 78 \mu\text{m} \times 200 \mu\text{m}$ (Kabli et al. Zebrafish 7; 143-8 (2010)) や、7T の高磁場を用いた Merrifield らによるゼブラフィッシュのヒト疾患モデルの MRI 画像の解像度 $39 \mu\text{m} \times 39 \mu\text{m} \times 300 \mu\text{m}$ (Merrifield et al. Magn. Reson. Imaging, 37; 9-15 (2017)) に比べ十分に高い。この時、解像度と視野の両立と高解像度化に有利であるため、MR 顕微鏡の撮像対象には小さな疾患モデルが適している。特に小型魚類であるメダカは、発生生物学や遺伝学での脊椎動物モデルであり、全ゲノムの解読も終了し、ヒトの遺伝子との相同性も高い。また、ゲノム編集技術の発達に伴い、メダカのヒト疾患モデルも数多く作成されている。そこで、我々は、メダカのヒト疾患モデルを、MR 顕微鏡により生きたまま撮像し、病態の進展を個体ごとに経時的に追跡している。

さらに、メダカを低温麻酔し、生きたまま水中から出して撮像することで、高解像度 3D 画像が得られている。前述の Kabli らや Merrifield らは、ゼブラフィッシュを水中で麻酔させた状態で撮像しており、解像度のさらなる向上は見込めない。まず、MR 顕微鏡により、非アルコール性脂肪性肝疾患群モデルのメダカを生きたまま 3 次元撮像 (in vivo MR 顕微鏡) した (Ueno et al., Sci. Rep. 6: 27188 (2016))。さらに、イメージングバイオマーカー (MRI-PDF) により、肝臓中のトリグリセリドの量を定量的に評価した。また、がん抑制遺伝子 p53 を変異させたメダカを個体ごとに MR 顕微鏡で経時的に撮像を行ない、外見上、異常が見られない若い変異体において、腎臓の左右差と腫大が確認され、成長に伴いその傾向が強くなることがわかった (Morizumi et al. Proc. Intl. Soc. Magn. Reson. Med. 26; 2513 (2018))。p53 変異メダカの同一個体での 1 ヶ月後における腎臓の変化を図 1 に示す。しかし、その傾向は個体差が大きく、MRI から得られる複数のパラメータを個体ごとに追跡することが重要であると示唆された。この時に、メダカを区別して追跡するために、in vivo MR 顕微鏡での撮像後にメダカを隔離飼育をせずに、元の飼育環境へ戻して、経時観察を続けられるように、適切に集団内にいる個体を識別する方法の確立が必要であることも示唆された。加えて、特に成魚の病態変化を追跡する場合には、飼育されている集団が適切な成長を示して、環境要因によるばらつきを減らす必要があることも示唆された。この上で、MR 顕微鏡の解像度を向上させて、ラジオミクスなどにより画像情報を抽出することにより、より精細な病態解明が可能となると考えられた。

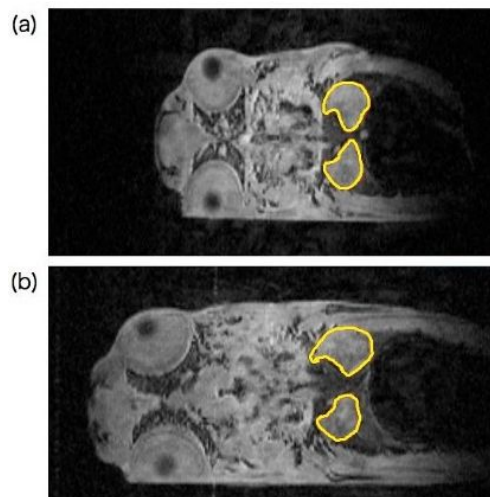


図 1 in vivo MR 顕微鏡によるがん抑制遺伝子変異メダカの同一個体での経時変化画像 a) 10 週齢, b) 14 週齢での腎臓 (黄線で抽出されている)

(2) ラジオミクス

ここで、ラジオミクスとは、ラジオロジーとオミックスを融合させた言葉であり、放射線科領域での MRI や CT などの医用画像を網羅的に解析する手法である。ラジオミクスでは、同一人物での医用画像を組み合わせ、画像からパラメータを抽出し、様々な疾患ステージにおいて、画像パラメータと疾患の診断情報との相関を取る。そして、その相関の結果から、疾患の診断や予後予測を行ない、また、その精度の改善を図る。さらには、遺伝子型との相関を図って、遺伝子型からの予後予測も行う。しかし、ヒトでのラジオミクスでは、疾患の鑑別やステージング、予後予測はできるが疾患のメカニズムはわからないという状況が生じている。そこで、より高い解像度を用いた画像から抽出されたパラメータの病態変化に応じた時間経過を個別に追跡できれば、空間解像度としての平均化や人によって様々な病態変化を平均化することによるボヤけを軽減することにより、より高精度な病態解明や治療法の開発に結びつくと考えられる。

(3) 個体識別

動物の集団から、個体を区別して認識する個体識別の方法は古くから存在している。例えば、耳に取り付けられた札や入れ墨、焼印などの個体を識別するための外部標識は、畜産などで家畜の管理などのために長く用いられてきている。さらに、水産業においても、ワイヤー状の標識などが用いられている。こうした外から取り付ける人工の標識に対しては、魚や家畜の成長に害を及ぼさない限りにおいて、個体それぞれを確認することが簡単であるということが重要であっ

た。一方で、生態学や動物行動学の分野では、動物の間での関わりや自然な行動を観測することが目的であるため、動物本来の性質に影響を与えないような手法による動物の個体を識別することが重要となっている。そのため、観測する動物そのものが持つ模様を写真に撮って、個体を識別することが行われている。ここで、生態学や動物行動学の対象となる動物は、自然の中で生活しているもので、遺伝的に様々な状態にあると考えられ、そのために、その動物の持つ模様のパターンも各々の個体を区別できるぐらいに多様性があると考えられる。

In vivo MR 顕微鏡によって、メダカヒト疾患モデルを経時的に個体ごとに追跡し、個体ごとの病態変化を時系列で観測していくためには、非侵襲的な個体の識別法が適している。そのため、外部に取り付ける人工的な標識よりも、その動物が持つ模様などの自然の標識を用いて個体を識別するのが望ましい。しかし、実験動物では、遺伝的や環境的に均質であることが条件づけられているため、生態学や動物行動学と完全に同等に自然の標識を用いることが難しいと予想されていた。こうした状況にも関わらず、実験動物であるマウスにおいて、耳の静脈のパターンを用いた手法が提案されていた (Cameron et al. Lab Anim. (NY) 36; 37-41 (2007))。提案された手法は、マウスを麻酔した上で、器具に耳を押し付けて静脈パターンを計測するというものであった。一方、実験動物としてのメダカは、マウスと同様に近交系が存在して遺伝的にも非常に均質であり、体も際立った模様が存在しない。さらに、メダカは変温動物であるために、手で触れるような行為は火傷等の危険性があるために避けることが望ましい。しかし、実験動物を個体ごとに隔離して飼育することは、その行動パターンや生育状態が変化する可能性があるため、避けることが望ましい。そのため、メダカにおいては、個体を識別する方法として、2週間程度で再生する尾鰭などを切ってその切断パターンによって個体を区別し、再生しきる前に再度切るという方法が採用されることが大半であった。

2. 研究の目的

本研究では、1)今まで開発を行ってきた in vivo MR 顕微鏡の解像度を、撮像時間を増やすことなく、細胞レベルまでに高めること、2) in vivo MR 顕微鏡により、遺伝的環境的均質性を維持したまま、メダカのヒト疾患モデルを個体ごとに経時的に可視化すること、3) in vivo MR 顕微鏡から得られたパラメータと時間情報を用いた細胞レベルのラジオミクスを行うことを目的とした。

3. 研究の方法

(1) in vivo MR 顕微鏡の高解像度化

MR 顕微鏡の概略を図2に示す。このMR 顕微鏡を用いて、in vivo で撮像される画像の高解像度化のためには、信号雑音比の向上が重要となる。これは、信号雑音比を向上させることができれば、1画素をより細かく分解する方法(細かくなった画素では信号強度が下る)で画像を取得することができるためである。信号雑音比を向上させるためには、感度の高い小さな信号用コイルを用いることが重要であるが、小さなコイルでは、信号を検出できる十分なコイル感度の領域が狭くなる。そこで、信号検出領域を維持したまま、信号雑音比を向上させるためには、小さい受信コイルを組み合わせ、全体

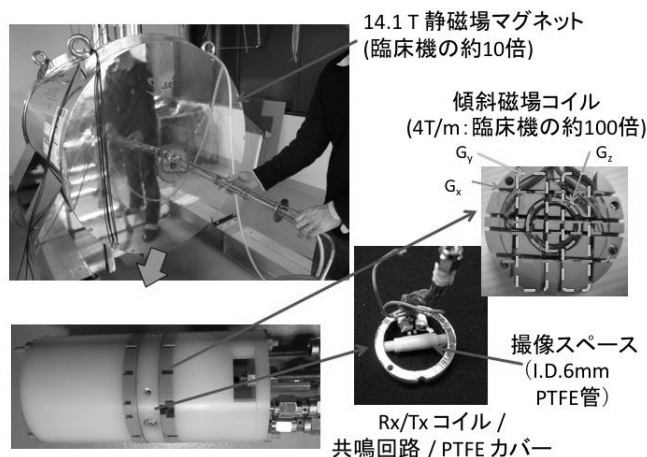


図2 MR 顕微鏡の概略

の撮像領域の大きさを保ちつつ、個々のコイルの信号雑音比を高めることが必要となる。MR 顕微鏡において、小さな受信コイルの組み合わせによる信号雑音比の向上が可能とするには、個々のコイルをそれぞれ制御可能となるように、個々のコイルに対応するチャンネルを用意する必要がある。一方、現行のMR 顕微鏡(図2)では、送信・受信ともに1チャンネルで、コイルを一つしか制御することができない。そこで、MR 顕微鏡の多チャンネル化を行う。多チャンネル化において、複数のチャンネル間で同じ特性が維持され、かつその制御が等しく行われることが必要である。そのため、研究資産の有効活用や研究費の抑制効果を鑑み、本研究では現有の装置を改造し、チャンネルの増加分に対し同じ装置を付け加える方法を採用した。

MRIで、可視化領域を維持したまま、高解像度化するためには、より多くのデータ取得を行う必要がある。しかし、一方で、多くのデータを取得することは、撮像時間の延長につながるため、in vivo 撮像中のメダカの生理現象の変化の影響をより多く受けることになり、かえって画質の低下を招き、さらには、メダカの撮像後の状態を悪化させることにつながる。そのため、撮像時間を維持したまま、高解像度化を行う必要がある。MRI画像での、データの冗長性を利用して、データを間引く方法が存在する。この手法の中で、小さな受信コイルの信号検出

感度領域が狭いことを利用して、それぞれのコイルで、撮像領域を実質減らすことで、解像度を維持して高速化するというパラレルイメージングという手法が臨床用 MRI では行われている。しかし、パラレルイメージングは、MR 顕微鏡の多チャンネル化の終了後に導入する必要があるため、本研究では、MR 顕微鏡での多チャンネル化と同時並行で行うことができる圧縮センシングを用いた手法を採用した。圧縮センシングでは、画像のデータを減らして取得し（サンプリング）さらに、取得した画像データ同士の間の特異性が小さくして乱雑性を多くすることで、画像データを減らしたことによる画像のアーティファクトをなくす手法である。本研究では、サンプリングのパターンとそのデータによる画像の再構成のパラメータについて、シミュレーションを行い、最適化への検討を行った。さらに、シミュレーションによって決定したパラメータにより、in vivo MR 顕微鏡撮像を行い、解像度の向上について確かめることを行なった。

(2) メダカの個体識別法と成長の均質化

ヒト疾患モデルメダカを長期に渡り、個体ごとに追跡して in vivo MR 顕微鏡を用いて可視化するためには、生態学や行動学で用いられるような動物に存在する自然標識による動物への影響が殆どないと考えられる個体を識別する手法を用いることが望ましい。そこで、メダカ頭部に存在する斑点のパターンに着目し、その斑点パターンによる個体識別法を検討した。まず、遺伝的にはほぼ同じとして良い近交系のメダカ 6 尾を用い、34 週間に渡って観測し、斑点パターンの状態と識別可能性について検討した。さらに、30 尾の近交系のメダカにおいて、斑点パターンの多様性と識別可能性を検証し、4 週間後の同じメダカの斑点パターンを用いた識別性と個体に対する対応関係の維持について検証した。加えて、非近交系のメダカの 6 尾についても斑点パターンの識別性について、検討した。さらに、30 尾の近交系と 6 尾の非近交系のメダカの 0 週と 4 週間後の斑点パターンについて、どの個体のパターンかを知らない状態で同一個体のものを揃えるというブラインドペアリングテストを行うことで、斑点パターンの個体識別性能を検証した。

また、ヒト疾患モデルメダカの長期個別追跡には、成長の均一性が必要となる。そこで、飼育法の検討と、研究室保有のメダカの成魚集団を長期的に観測することにより、均一性の検証とその評価方法について検討を行った。

(3) in vivo MR 顕微鏡のメダカのヒト疾患モデルへ適応とラジオミクス

遺伝子変異やゲノム編集により作成したヒト疾患モデルメダカに対し、ヒトでの病態との相関を図り、メダカモデルでの病状の進行のステージングを行う。この際に、組織切片の作成や血液検査などの組織学的な検査も組み合わせて行う。さらに、ウエスタンブロットや免疫染色などのタンパク質ベースの検査も合わせ、ヒト疾患モデルメダカにおける疾患の原因となるタンパク質の発現時期、発現部位と発現パターンを検討する。加えて、疾患の症状を明らかにするために、メダカの行動実験を行ない、マクロな発現を検証する。

ヒト疾患モデルメダカに対し、組織学的、タンパク質レベル、行動レベルで明らかとなった疾患の進行過程を、高解像度の in vivo MR 顕微鏡画像との比較することで、ラジオミクスの解析を行う。ここで、in vivo MR 顕微鏡画像から、物理的・化学的パラメータ T_1 、 T_2 、 T_2^* や組織の大きさや形を時系列データとして定量的に求める。得られた高解像度のデータを臓器や組織領域ごとに解析し、病態の変化に対応する特徴量の変化を求める。さらに、経時的なデータにより、時間軸方向における微分や差分、連続性を解析する。ここで、組織領域の自動抽出が困難な場合は、手動による抽出、2 次元への限定を行って解析する。

4. 研究成果

(1) MR 顕微鏡の高性能化

既存の MR 顕微鏡の多チャンネル化にあたり、制約条件を鑑みて、受信用チャンネルを増設する形を採用し、送信用チャンネルの多チャンネル化は見送った。そのため、MR 顕微鏡のパルス送信部はそのまま用い、受信部のみ改造と増設を行なった。受信部は、600MHz の信号から中間周波数の 70MHz を生成して取り出すところまで行なった。この受信部に対して、1 台増設を行い、2 チャンネルの受信部を構成することができた。さらに、多チャンネルの高速高分解能 AD ボードを用いたデジタル受信システムを開発し、既存の取り出した 70MHz の信号を受信して信号処理を行う構成として構築した。制約条件から、受信部での多チャンネル化は 2 チャンネルに留まったが、デジタル受信システムは、4 チャンネル対応であるため、将来的に受信部も 4 チャンネルに拡張できるような構成を導入することができた。また、新たな DA ボードの導入を行い、開発したデジタル受信システムで、傾斜磁場コイルの制御が可能とすることができた。加えて、傾斜磁場コイルの出力磁場の非線形性の補正を、可視化領域全体で行う画像処理システムの構築を行った。これにより、高い解像度かつ正確な画像を用いた解析が可能となった。しかしながら、増設を行なった既存機に不具合がいくつか生じ、修理対応を行なったが、原因の調査にもかかわらず、原因の特定には至っていないものも存在した。そこで、研究期間終了現在でも原因の特定を行っている。

MR 顕微鏡装置の多チャンネル化と並行して、in vivo MR 顕微鏡での高解像度化のために、圧縮センシングの導入を行なった。撮像パラメータや再構成パラメータの最適化を行うことで、

撮像時間の延長を行うことなしに in vivo MR 顕微鏡撮像において、 $40\ \mu\text{m} \times 60\ \mu\text{m} \times 60\ \mu\text{m}$ のボクセルサイズから $40\ \mu\text{m} \times 43\ \mu\text{m} \times 43\ \mu\text{m}$ のボクセルサイズへの縮小化を実現することができた。また、ボクセルサイズが縮小化された画像を比較することで、より細かい構造の可視化が実現されていることがわかり、圧縮センシングによる高解像度化を実現することができた。この内容は、現在、論文化の準備中である。

(2) 個体識別法と成長の均一化

遺伝子がほぼ同じである近交系のメダカの頭部における斑点パターンによって、個体を識別することが可能であることがわかり、その方法を定式化することができた。その例を図 3 に示す。

34 週間に渡る近交系メダカの観測から、斑点自体には消失や出現が生じるが、4 週間程度では、その変化が小さく、斑点パターンを用いて、個体を区別し、個体ごとに斑点パターンを紐づけることが可能であることがわかった。さらに、30 尾の近交系メダカを用いた検証で、斑点パターンは十分な多様性を持ち、4 週間の時間間隔で、個体ごとに対応可能であることがわかった。加えて、30 尾の斑点パターンを用いた識別テストでも、被験者全てが正解することができた。この実験事実を踏まえ、斑点パターンを用いた個体識別が可能であることがわかった。さらに、非近交系のメダカを用いた検証でも同様に、斑点パターンによる個体識別が可能であることがわかった。これらの結果を論文として上梓した。この非侵襲的な個体識別法を用いることで、ヒト疾患モデルメダカの飼育環境を維持したまま、in vivo MR 顕微鏡による経時観察が可能となり、環境変化や侵襲的な個体識別による影響を排除できるため、より疾患の発生や進行過程のばらつきを抑えられると考えられる。

ヒト疾患メダカモデルでの環境要因による多様性の排除のため、成長の均質化の手法とその評価法の検証を行なった。保有するメダカの集団を 1 年程度追跡して検証することで、飼育法やその評価法を確立することができた。この内容について、現在、論文を作成中である。

(3) ヒト疾患モデルへの適用

認知症を発症させる原因と考えられるタウオパチーのメダカモデルについて、抗不安様行動と考えられるような行動異常のデータが以前の実験から見出されていた。そこで、実験結果の再現性を確認するとともに、実験条件の定式化を試みた。また、行動パターンのデータ解析において、コンピュータの画像認識の間違いによる外れ値の混入を防ぐためのソフトウェアの開発を行い、解析における精密化をおこなった。精密化された解析に基づき、抗不安様行動と解釈できる結果を得たが、発症や進行の個体差の影響が実験結果に大きな影響を及ぼしていることも示唆された。これは、in vivo MR 顕微鏡による個体追跡の重要性を示している。現在、この解析結果をさらに検討し、論文化に向けてデータをまとめている。

がん抑制遺伝子 p53 変異メダカにおいて、外見に異常のない若魚の段階で、腎臓の異常が in vivo MR 顕微鏡によって見出されていた (Morizumi et al. Proc. Intl. Soc. Magn. Reson. Med. 26; 2513 (2018))。しかし、がん抑制遺伝子 p53 変異メダカでの病態について、はっきりした結論が出ていない状態であった。そこで、in vivo MR 顕微鏡での知見に基づき、組織学的な手法によって、がん抑制遺伝子 p53 変異メダカの病態解析を行い、病態は腎臓を起点として進行し、最終的に死に至る過程のメカニズムについての仮説を得ることができた。現在、in vivo MR 顕微鏡の解析の組み合わせとともに、論文化に向けた仮説の検証を行なっている。

また、in vivo MR 顕微鏡画像の解析から、ヒト疾患メダカモデルでの脳の形態変化について、ラジオミクスの手法を応用し、新たな知見を見出した。in vivo MR 顕微鏡画像から、脳の部位や頭蓋、体断面を抽出し、サイズや形の時系列データを対照群である野生型のものと比較した。その結果、脳の全体でなく、特定の部位に対応する部分において、野生型と有意に異なる結果を得た。これは、ヒト疾患メダカモデルの原因遺伝子の作用によるものだと推察され、組織学的な追加検証を行なった。また、成長の時間軸全体でその差が生じていることがわかった。さらに、原因遺伝子の脳以外の影響についても、in vivo MR 顕微鏡画像等を用いて検証し、野生型との違いを見出した。現在、この結果について、論文を準備中である。

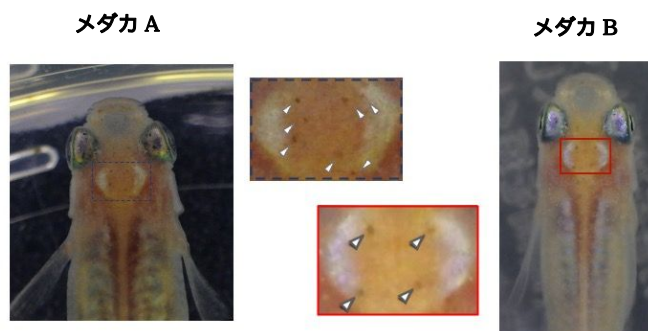


図 3 近交系メダカの頭部斑点パターンによる個体識別
メダカ A と B で黒い斑点のパターン (拡大図: 青、A ; 赤、B ; 矢尻が斑点を指す) が異なっているのが分かる。

5. 主な発表論文等

〔雑誌論文〕 計3件（うち査読付論文 1件/うち国際共著 0件/うちオープンアクセス 1件）

1. 著者名 Morizumi Hajime, Sugimoto Naozo, Ueno Tomohiro	4. 巻 13
2. 論文標題 Individual identification of inbred medaka based on characteristic melanophore spot patterns on the head	5. 発行年 2023年
3. 雑誌名 Scientific Reports	6. 最初と最後の頁 659
掲載論文のDOI（デジタルオブジェクト識別子） 10.1038/s41598-023-27386-w	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスとしている（また、その予定である）	国際共著 -

1. 著者名 上野智弘、森泉元、山田正翔	4. 巻 62
2. 論文標題 MR顕微鏡のin vivoイメージング開発	5. 発行年 2021年
3. 雑誌名 アグリバイオ	6. 最初と最後の頁 560-564
掲載論文のDOI（デジタルオブジェクト識別子） なし	査読の有無 無
オープンアクセス オープンアクセスではない、又はオープンアクセスが困難	国際共著 -

1. 著者名 上野智弘、森泉元、山田正翔	4. 巻 53
2. 論文標題 MR顕微鏡 in vivoイメージング開発と小型魚類疾患モデルへの応用	5. 発行年 2021年
3. 雑誌名 細胞	6. 最初と最後の頁 47-50
掲載論文のDOI（デジタルオブジェクト識別子） なし	査読の有無 無
オープンアクセス オープンアクセスではない、又はオープンアクセスが困難	国際共著 -

〔学会発表〕 計4件（うち招待講演 1件/うち国際学会 1件）

1. 発表者名 Hajime Morizumi, Naomi Sugimoto, Tomohiro Ueno
2. 発表標題 Distribution pattern of dark spots on the head of medaka for individual identification over time
3. 学会等名 17th International Zebrafish Conference（国際学会）
4. 発表年 2022年

1. 発表者名 Hajime Morizumi, Naomi Sugimoto, Tomohiro Ueno
2. 発表標題 Individual identification of medaka using a distribution pattern of dark spots on the head
3. 学会等名 28th Japanese Medaka and Zebrafish Meeting
4. 発表年 2022年

1. 発表者名 清水樹、杉本直三、上野智弘
2. 発表標題 MR顕微鏡を用いたヒト疾患メダカモデルのin vivo撮像での圧縮センシングによる高解像度化の検討
3. 学会等名 第50回日本磁気共鳴医学会大会
4. 発表年 2022年

1. 発表者名 上野智弘、森泉元
2. 発表標題 in vivo MR顕微鏡の開発とメダカヒト疾患モデルへの応用
3. 学会等名 第14回NIBBバイオイメージングフォーラム（招待講演）
4. 発表年 2020年

〔図書〕 計0件

〔産業財産権〕

〔その他〕

<p>遺伝子・環境が同じメダカを頭の斑点で識別 均質な実験動物のバイオメトリクス https://www.kyoto-u.ac.jp/ja/research-news/2023-01-20-2 Connecting the dots https://www.eurekalert.org/news-releases/982963 Connecting the dots https://www.kyoto-u.ac.jp/en/research-news/2023-03-17</p>

6. 研究組織

	氏名 (ローマ字氏名) (研究者番号)	所属研究機関・部局・職 (機関番号)	備考
研究分担者	杉本 直三 (Sugimoto Naozo) (20196752)	京都大学・医学研究科・教授 (14301)	
研究分担者	麻生 俊彦 (Aso Toshihiko) (50397543)	国立研究開発法人理化学研究所・生命機能科学研究センター・副チームリーダー (82401)	
研究分担者	木下 政人 (Kinoshita Masato) (60263125)	京都大学・農学研究科・准教授 (14301)	

	氏名 (ローマ字氏名) (研究者番号)	所属研究機関・部局・職 (機関番号)	備考
研究協力者	森泉 元 (Morizumi Hajime)	京都大学・医学研究科・大学院生 (14301)	
研究協力者	山田 正翔 (Yamada Masato)	京都大学・医学研究科・大学院生 (14301)	
研究協力者	中澤 征大 (Nakazawa Masahiro)	京都大学・医学研究科・大学院生 (14301)	
研究協力者	清水 樹 (Shimizu Itsuki)	京都大学・医学研究科・大学院生 (14301)	

6. 研究組織（つづき）

	氏名 (ローマ字氏名) (研究者番号)	所属研究機関・部局・職 (機関番号)	備考
研究協力者	中木 芙優 (Nakaki Fuyu)	京都大学・医学部・大学生 (14301)	

7. 科研費を使用して開催した国際研究集会

〔国際研究集会〕 計0件

8. 本研究に関連して実施した国際共同研究の実施状況

共同研究相手国	相手方研究機関