

## 科学研究費助成事業 研究成果報告書

平成 27 年 5 月 2 日現在

機関番号：12601

研究種目：若手研究(B)

研究期間：2012～2014

課題番号：24770038

研究課題名(和文) 顕微鏡画像処理による植物細胞のオルガネラ定量解析法の開発

研究課題名(英文) Development of quantitative analysis methods of plant cells by image processing for microscope

研究代表者

朽名 夏磨(Kutsuna, Natsumaro)

東京大学・新領域創成科学研究科・助教

研究者番号：70578559

交付決定額(研究期間全体)：(直接経費) 3,500,000円

研究成果の概要(和文)：植物の細胞内構造をとらえる蛍光像について顆粒状構造、膜蛍光像、内腔蛍光像、繊維構造の4パターンに大別し、分布、形態、速度、共局在性を評価する一連の画像解析手法を開発した。また核・染色体の蛍光像からの細胞周期の推定など機械学習に基づく画像の自動分類に関して、高精度な分類ソフトウェアを生成するアルゴリズムを開発した。

その結果、表層微小管の配向制御機構、小胞体流動と低温ストレスの関係、アクチン繊維と細胞分裂の関係、小胞輸送系関連タンパク質の局在とその変化など、植物細胞学の多岐にわたる分野で顕微鏡画像解析に基づく定量的知見を提供した。

研究成果の概要(英文)：Image processing methods of plant intra-cellular structures were developed to evaluate distribution, morphology, speed and co-localization through the categorizing of fluorescence image into particular, membraneous, lumenous and fibrous pattern. In addition, an algorithm based on machine learning technique was established to generate highly accurate classification software to estimate phase of cell cycle from fluorescence image of nuclei/chromosomes. As a result, grounded by microscopic image analyses, quantitative insights were obtained in wide-ranging field of plant cytology including a regulatory mechanism of cortical microtubules, an effect of cold stress on endoplasmic streaming, a role of actin microfilaments in cell division and dynamic localization of proteins related to intra-cellular vesicle transport system.

研究分野：バイオイメージングインフォマティクス

キーワード：植物 細胞・組織 解析・評価 共焦点顕微鏡 生体生命情報学

## 1. 研究開始当初の背景

植物の個体は変動する外界に適応する高い可塑性・環境適応能力を備えている。そのメカニズムの解明は環境問題や食糧問題といった、人類が直面する諸問題への取り組みに欠くことができない。こうした背景もあり、植物の分子遺伝学的研究は研究開始当初から現在に至るまで進展を遂げ続けている。その結果、環境からの刺激が、いかに感受され、どのような応答を引き起こすのかについて、遺伝子発現レベルでは定量的な知見が大規模に集積しつつある。しかしこうした分子遺伝学の次元における理解は、細胞、組織、器官がどう応答し、個体レベルの表現形質として表れるのか、一足飛びに説明できるものではない。

分子遺伝学的レベルの知見と個体の適応・応答の間に横たわるギャップを橋渡す第一の場は細胞であり、解析の主力はイメージングである。可視化ターゲットの拡大や撮像法の発達は目覚しく、画像データベース構築によるデータの共有も行われつつある。また研究開始当時、植物科学の各分野では個々の研究者が着目している遺伝子・タンパク質について個別の解析を進めてきたフェイズから、相互作用の理解へと歩みを進めていく途上であった。この発展段階では、異なる研究者、異なる実験系、異なる顕微鏡から得られる細胞像を横断的に比較解析するために、細胞内構造の「形、動き、局在」の客観的表現である定量情報の取得の意義が高まっていた。そのためには「実験系 A におけるオルガネラ B の数はいくつであり、体積は何  $\mu\text{m}^3$  であり、C タンパク質の何 % が共局在している」といった基本的な情報を画像から自動的に測定する手法が必要であった。生命科学全体を見渡すと、HeLa 細胞や iPS 細胞などの動物培養細胞系において、大規模解析のために画像処理技術のデファクトスタンダードを目指す取り組みがなされていた。これに比べ、植物科学における細胞画像の解析技術の普及は立ち遅れていた。動植物の細胞を比較すると、細胞の立体形状、色素体・細胞壁・巨大液胞の有無など大きな違いがあるため、動物細胞をモデルとした画像解析系が洗練され特化していく程、植物細胞への転用は難しくなっていく。むしろ、植物細胞の構造をふまえた画像解析手法の開発が必要であった。

## 2. 研究の目的

植物細胞のオルガネラ(細胞膜、細胞壁を含む)の蛍光像を解析の対象とし、その解析項目としてオルガネラ研究における基本的な情報である「形、動き、局在」に着目し、その客観的かつ定量的な測定手法の確立を目的とする。対応する具体的な撮影方法とし

ては共焦点レーザー顕微鏡および通常の蛍光顕微鏡とする。その上で2次元画像からの形と局在の測定、同じ視野を経時的に撮影した時系列画像(ムービー)からの動きの測定に取り組む。

画像解析システムは、幾何補正(レンズの特性等による画像の歪曲の補正)、タイリング(画角より大きな被写体を分割撮影した後に行う画像の連結)、レジストレーション(撮影タイミングの違いに因る被写体の位置ズレの補正)、ノイズ抑制、領域抽出(解析対象領域と背景領域の画像上での分離)、抽出した領域からの形状測定…等、画像処理のステップを必要に応じて組み合わせることにより作成される。その一つ一つのステップについて要素技術が今なお続々と提案されているため、それらを取捨選択し、個々のステップの動作条件を調整する必要がある。研究者ごと、顕微鏡画像ごとに、アドホックに作成されてきたこれまでの画像解析ソフトウェアでは、その取捨選択と動作条件の調整(チューニング)が、生物学者とソフトウェア開発の担当者の協働のもと、経験と試行錯誤によって行われてきた。本研究では、それらと対照的に植物細胞の蛍光像という広い適用範囲をカバーし、研究者ごとの撮影条件や顕微鏡の違いを乗り越えて植物細胞内の基本情報であるオルガネラの「形、動き、局在」を定量的に取得することを目的とする。そのために、個々のステップの取捨選択と調整の自動化手法の開発が本研究の主題となる。従来の画像解析における「人間による試行錯誤」の部分を自動化する手法として、複数の画像処理ステップの候補から適切な組み合わせを探索する「遺伝的アルゴリズム」を採用する。また、画像処理ステップの人手によるチューニングを代替し自動化する手法として、「粒子群最適化アルゴリズム」を採用する。

本研究では開発技術の適用例として、細胞骨格系と小胞輸送系に着目する。細胞周期の進行にともなう細胞骨格系の動態、および細胞外から取り込まれた生体膜プローブがエンドソームを経て液胞膜へと移行する膜輸送経路に関して、時間経過に従って各細胞内構造の蛍光輝度ならびに形・数・局在がどのように推移していくか、多数の画像から測定データを得て分析を行う。

## 3. 研究の方法

前述のように植物の細胞内構造(オルガネラ等)の基本情報として、形、動き、局在に着目し、蛍光画像からこれらの形質を正確に測定するシステムを開発した。可視化されている細胞内構造によって蛍光像を「粒状の構造」「膜等の境界の構造」「内腔構造」「繊維

構造」にカテゴリライズし、それぞれに画像解析法を確立するという方針のもと、各カテゴリの蛍光画像の撮影・収集を行った。各カテゴリの画像に対する解析ソフトウェアは、基本的な画像処理ステップを自動的に組み合わせることによって実現した。この組み合わせ方の自動探索には遺伝的アルゴリズム、また、各ステップのパラメタ設定の自動調整には粒子群最適化アルゴリズムを用いた。

#### (1) 解析対象と可視化手法に対応した画像解析戦略の構築と画像収集

植物細胞の各オルガネラ・細胞骨格といった細胞内構造について、蛍光画像上の特徴によって前述した4カテゴリにグループ分けを行った。生体膜プローブとして蛍光色素FM4-64を用いてタバコ培養細胞BY-2におけるエンドサイトーシス経路を可視化し、画像撮影を行った。また、液胞内腔および細胞骨格系については緑色蛍光タンパク質(GFP)による可視化ラインの撮影を行い、全カテゴリに対応する画像群を整備した。

#### (2) 画像処理ステップの組み合わせ及びパラメタの最適化手法の検討

植物細胞に適応した画像解析手法を基本的な画像処理のステップの適切な組み合わせによって実現することとした。その典型的なパターンは、撮像条件の変動等を補正し、ノイズ等の撮像装置固有の影響を排除し、細胞内構造と関係する情報のみを選抜することにより、注目するオルガネラを抽出した白黒画像(2値画像)を得て、そこから面積や位置等を数値情報として得るというものである。この一連の画像処理ステップの組み合わせ方とパラメタ(例えば過剰なノイズ抑制処理は微細構造の抽出性能を下げてしまうため、“匙加減”が重要である)の調整についての最適化手法を開発した。まず画像処理ステップの組み合わせには遺伝的アルゴリズムを、そして画像処理ステップのパラメタ設定として最善の値を自動的に探索するために粒子群最適化アルゴリズムを、それぞれ導入した。

#### (3) 形態・局在解析ソフトウェアの開発

(2)で開発した最適化手法を用いて、(1)で規定したカテゴリごとに2次元画像からの細胞内構造の抽出と、その形態(面積、周長、個数等)と局在(相互の距離、分布の密度・極性等)の解析ソフトウェアを開発した。

#### (4) 各オルガネラの多次元蛍光画像群の収集と解析

時系列画像(ムービー)およびマルチバン

ド画像(多重蛍光標識画像)の撮影を実施した。マルチバンド画像撮影については生体膜プローブFM4-64と緑色蛍光タンパク質により標識した細胞内構造(アクチン・微小管等)の組み合わせを用いることで、エンドサイトーシスへの細胞骨格系の寄与と相互作用を定量的観点から明らかにするための基本情報を収集した。

#### (5) 時系列画像からの動き解析ソフトウェアの開発

(4)にて取得した時系列画像をターゲットとして、オルガネラ・細胞骨格の動きを測定するアルゴリズムを検討し、解析ソフトウェアとして実装した。また、(1)にて設定したカテゴリのうちエンドソーム等の粒子状構造の蛍光像に関しては、形状抽出を経由せず蛍光輝度の時空間分布から直接に細胞内の場の流れを求めるアプローチを採用した。そのためにオプティカルフロー法をシグナル-ノイズ比の低い高速撮影の共焦点像に対応するために拡張した。他のカテゴリについてはオルガネラおよび細胞骨格を各フレームで抽出し、その変形・移動を定量化する方針を用いた。時系列画像のフレーム(ムービーのコマ)間の追跡のために、物体追跡アルゴリズムのオルガネラ追跡への応用を行った。

#### (6) マルチバンド画像からの共局在解析ソフトウェアの開発

(4)で収集したマルチバンド画像をターゲットとして、共局在の有無や程度をあらゆる定量的指標を検討し、共局在解析ソフトウェアとして実装した。蛍光像からの共局在解析にあたっては、比較する細胞内構造を互いに異なる励起・蛍光スペクトルをもつ蛍光プローブにより標識し、検出する蛍光帯域(バンド)を分けて撮像することが一般的である。そこで蛍光像上の両標識の重なり度合いを反映する指標として、バンド間の輝度相関係数に着目した。ただし輝度相関のもととなる蛍光像の輝度は撮像条件の変化に直接左右されるため、染色や蛍光タンパク質の発現の強弱、カメラの増幅能力の違い等が輝度相関係数に大きな変化をもたらすことが懸念となる。本研究では多くの植物細胞の蛍光像で一貫性のある測定結果を得ることを主眼とするため、輝度相関係数のもつ不安定性の解決に取り組んだ。そのために本研究では、輝度相関解析の前処理として撮像条件の影響を極力低減する輝度の補正のステップを導入し、(2)にて示した最適化法を用いた開発を行った。

## 4. 研究成果

(1) タバコ培養細胞 BY-2 と、その形質転換ライン、およびシロイヌナズナ表皮組織について各種細胞内構造の蛍光画像の撮影を行うと共に、植物細胞画像データベースからの蛍光顕微鏡画像の収集を行った。これらを画像上の特徴によって(1)粒状構造の蛍光像(エンドソーム等)、(2)膜等の境界を標識した蛍光像(液胞膜、細胞膜等)、(3)内腔全体を標識した蛍光像(液胞内腔、核内等)、(4)繊維構造の蛍光像(細胞骨格系、染色体等)に分け、各カテゴリーに適した解析戦略の構築を進めた。粒子群最適化アルゴリズムを採用した結果、カテゴリーごとに空間周波数フィルタと輝度に基く2値化処理をはじめとする基本的な画像処理工程の組み合わせを設定することで、各工程で調整する必要のある多数のパラメタの決定を自動化するチューニングシステムを開発することに成功した。このシステムの利用により、表層微小管の配向・密度解析、エンドソームの分布・形態解析、小胞体の分布・形態解析、細胞質内の顆粒構造の計数、抗体染色組織像からの標識強度の定量評価について、それぞれの特性に応じてカスタマイズされた画像解析ソフトウェアをオンデマンドに作成することができた。さらに、小胞輸送関連タンパク質およびチューブリンに関する共局在解析、温度変化に伴う小胞体の流動速度変化の評価、花粉管伸長過程の自動追跡に関する画像データの前処理工程にも本システムを活用することができた。

(2) 前述のカテゴリーを問わずに利用可能なアプローチとして、多量の画像群の比較を効率化し、その分類を自動化する手法についても開発を行った。こちらは研究者がアノテーションを行っていない多量の画像群を入力として、画像群から多数の特徴候補を抽出し、反復クラスタリングと遺伝的アルゴリズムによりユーザに対して能動的な学習を進め、適切な画像特徴と分類基準を探索するシステムとして開発した。なお反復クラスタリングは当初自己組織化マップを採用したが、その後、Evolving Tree 法を導入することで2桁近い高速化を達成できた。これにより日夜各研究室で取得され続けている植物細胞画像を前述の4カテゴリーへと自動的に分類すること自体についても見通しが立ったといえる。これはデータベースやウェブ上に展開する大規模な植物細胞画像群の網羅的解析への道筋をつけるものである。

(3) 定量化のターゲットとする画像の種類を2次元画像から多次元画像、具体的には時系列画像・動画画像ならびに多重蛍光標識画像

(マルチバンド画像)へと拡張し、植物の器官・組織・細胞に対するイメージング解析法の開発を行った。

シロイヌナズナの葉と根の表皮組織等を対象として各種細胞内構造の撮影および収集を続けるとともに、既に取得済の植物培養細胞画像とあわせて、画像リソースとして拡充した。なお撮影法は共焦点顕微鏡や全反射顕微鏡を含む蛍光顕微鏡法を中心としつつも、デジタルマイクロスコープによる明視野画像および透過型電子顕微鏡にも対象を広げた。なお蛍光画像および明視野画像に関しては、連続撮影によって得られる時系列画像や動画画像からの動態解析法を開発することができた。具体的には、オルガネラや細胞骨格などの細胞内構造の動きや植物器官・組織の成長について速度測定を行うために、第一にオプティカルフロー法に基く手法を発展させた。また、花粉管や根のように動きにおおよその方向性が見てとられる伸長成長する対象としては、第二にその表面の模様や形状が部位によって異なることを利用して、画像内の各所に自動的にマーカーを設定し、時間経過にともなうマーカー位置の変位を画像内探索によって求める手法を開発した。植物細胞や組織は互いに相似的な細胞が積み重なって形作られているため、一般的な特徴点(マーカー)の自動取得と対応付け(コレスポンデンス)のアルゴリズムでは結果が不安定であった。本研究では高速な画像内領域のクラスタリング手法((2)の Evolving Tree 法参照)を活用して、異なる時間フレーム間での領域探索に加えて、同一時間フレーム内での類似領域探索を行うことで対応した。第二のアプローチによって、根の伸長測定のようにオプティカルフロー法の適用が困難な画像条件でも人手の作業によるマーカーの設定なしに、高測定の可能となった。その適用例として、細胞の増殖と成長の協調によって成し遂げられている根の伸長過程について、塩ストレスによる影響を定量的に明らかにした。

(4) 緑色および赤色蛍光タンパク質によって二重標識された植物細胞の時系列画像を対象として、細胞内構造及びタンパク質の共局在解析についての取り組みを行った。

バンド間での相関係数を指標として用い、蛍光バンド間の輝度相関係数による共局在性の評価方法について、ノイズやバックグラウンドの影響を抑制し、膜輸送阻害剤に対するタンパク質の共局在性の変化を計測することに成功した。

また細胞核や細胞質といった細胞内の一定に限局している領域内では、輝度相関係数による局在解析は困難であった。そこで限局

性の細胞内構造に対する共局在性の解析にあたっては、当該の限局領域内で細胞内構造が分布しうるパターンを擬似乱数を用いたモンテカルロシミュレーションによって求め、実際の観察結果を、乱数から得た擬似パターンとの違いによって評価する方法を新たに開発した。輝度相関係数を用いた手法では対象が細胞内限局性を備える場合偽陽性が生じやすく、真に2つの細胞内構造や生体分子が共局在しているかは信頼性が低くなりがちである。本研究で開発したシミュレーションによる手法では、この共局在性評価における偽陽性率を大きく低下させられた。それとともに、共局在性に加えて、ランダムな分布と相互排他的な分布の差異を捉えた定量的な評価が可能となった。

## 5. 主な発表論文等

〔雑誌論文〕(計 23 件)

- (1) Fujiwara T, Kawachi M, Sato Y, Mori H, Kutsuna N, Hasezawa S, Maeshima M (2015) A high molecular mass zinc transporter MTP12 forms a functional heteromeric complex with MTP5 in the Golgi in *Arabidopsis thaliana*. *FEBS J* 査読有 印刷中 DOI: 10.1111/febs.13252
- (2) Akita K, Higaki T, Kutsuna N, Hasezawa S (2015) Quantitative analysis of microtubule orientation in interdigitated leaf pavement cells. *Plant Signaling & Behavior* 査読有 印刷中 <http://www.tandfonline.com/loi/kpsb20>
- (3) Higaki T, Kato A, Myouga F, Kutsuna N, Hasezawa S, Nagata N (2015) Automatic classification of chloroplast ultrastructure mutants with transmission electron microscopy. *Bioimages* 査読有 印刷中 <https://www.jstage.jst.go.jp/browse/bioimages>
- (4) 朽名夏麿 (2015) バイオイメージング分野における画像の自動分類. *Medical Imaging Technology* 査読有 印刷中 <https://www.jstage.jst.go.jp/browse/mit/-char/ja>
- (5) Takahashi S, Kojo KH, Kutsuna N, Endo M, Toki S, Isoda H, Hasezawa S (2015) Differential responses to high- and low-dose ultraviolet-B stress in tobacco Bright Yellow-2 cells. *Frontiers in Plant Science* 査読有 6: 254. DOI: 10.3389/fpls.2015.00254
- (6) Higaki T, Kutsuna N, Akita K, Sato M, Sawaki F, Kobayashi M, Nagata N, Toyooka K, Hasezawa S (2015) Semi-automatic organelle detection on transmission electron microscopic images. *Scientific Reports* 査読有 5: 7794. DOI: 10.1038/srep07794
- (7) Motomura K, Le Q, Kutsuna N, Mano S, Nishimura M, Hamada T, Watanabe Y (2015) Diffuse DCP2 accumulates in DCP1 foci under heat stress in *Arabidopsis thaliana*. *Plant Cell Physiology* 査読有 56: 107-115. DOI 10.1093/pcp/pcu151
- (8) 朽名夏麿, 長谷川淳子, 松永幸大 (2015) 植物細胞のオルガネラのライブイメージングと画像解析 Regulation of Plant Growth & Development 査読有 49: 104-111. <http://www.jscrp.jp/book/49-02.html>
- (9) Higaki T, Kutsuna N, Hasezawa S (2014) CARTA-based semi-automatic detection of stomatal regions on *Arabidopsis cotyledon* surface. *Plant Morphology* 査読有 26: 9-12. DOI: 10.5685/plmorphol.26.9
- (10) Toyooka K, Sato M, Kutsuna N, Higaki T, Sawaki F, Wakazaki M, Goto Y, Hasezawa S, Nagata N, Matsuoka K (2014) Wide-range high-resolution transmission electron microscopy reveals morphological and distributional change of endomembrane compartments during log-to-stationary transition of growth phase in tobacco BY-2 cells. *Plant Cell Physiology* 査読有 55: 1544-1555. DOI: 10.1093/pcp/pcu084
- (11) Naramoto S, Otegui MS, Kutsuna N, de Rycke R, Dainobu T, Karampelias M, Fujimoto M, Feraru E, Miki D, Fukuda H, Nakano A, Friml J (2014) Insights into the localization and function of the membrane trafficking regular GNOM ARF-GEF at the Golgi apparatus in *Arabidopsis*. *Plant Cell* 査読有 26: 3062-1076. DOI: 10.1105/tpc.114.125880
- (12) Hasegawa J, Higaki T, Hamamura Y, Kurihara D, Kutsuna N, Higashiyama T, Hasezawa S, Matsunaga S (2014) Increase in invaginated vacuolar membrane structure caused by plant cell expansion by genotoxic stress induced by DNA double-strands breaks. *Cytologia* 査読有 79: 461-474. DOI: 10.1508/cytologia.79.467

- (13) Kobayashi S, Kutsuna N, Tanino KK, Uemura M, Kawamura Y (2014) Confocal cryomicroscopic analysis and cryodynamics of endoplasmic reticulum in harbeaceous plant cells. *Environmental and Experimental Botany* 査読有 106: 44-51. DOI: 10.1016/j.envexbot.2014.02.002
- (14) Fujita S, Pytela J, Hotta T, Kato T, Hamada T, Akamatsu R, Ishida Y, Kutsuna N, Hasezawa S, Nomura Y, Nakagami H, Hashimoto T (2013) An atypical tubulin kinase mediates stress-induced microtubule depolymerization in Arabidopsis. *Current Biology* 査読有 23: 1969-1978. DOI: 10.1016/j.cub.2013.08.006
- (15) Kojo KH, Higaki T, Kutsuna N, Yoshida Y, Yasuhara H, Hasezawa S (2013) Roles of cortical actin microfilament patterning in division plane orientation in plants. *Plant Cell Physiology* 査読有 54: 1491-1503. DOI: 10.1093/pcp/pct093
- (16) 朽名夏麿 (2013) 生物画像の自動分類システムの開発. *Plant Morphology* 査読有 25: 73-81. DOI: 10.5685/plmorphol.25.73
- (17) Higaki T, Kutsuna N, Hasezawa S (2013) LIPS database with LIPService: a microscopic image database of intracellular structures in Arabidopsis guard cells. *BMC Plant Biology* 査読有 13: 81. DOI: 10.1186/1471-2229-13-81
- (18) Kutsuna N, Higaki T, Matsunaga S, Otsuki T, Yamaguchi M, Fujii H, Hasezawa S (2012) Active learning framework with iterative clustering for bioimage classification. *Nature Communications* 査読有 3: 1032. DOI: 10.1038/ncomms2030
- (19) Higaki T, Kutsuna N, Hosokawa Y, Akita K, Ebine K, Ueda T, Kondo N, Hasezawa S (2012) Statistical organelle dissection of Arabidopsis guard cells using image database LIPS. *Scientific Reports*. 査読有 2: 405. DOI: 10.1038/srep00405
- (2) 朽名夏麿, 川田亮太, 杉田(小西)左江子, 馳澤盛一郎: イネの生長過程を定量化するための多角的撮影と画像解析法の開発. 日本植物学会第 78 回大会. 2014 年 9 月 14 日. 明治大学生田キャンパス(神奈川県川崎市)
- (3) 朽名夏麿: 画像解析と植物細胞の生物学. 第 47 回日本発生物学大会. 2014 年 5 月 27 日. ウィンクあいち(愛知県名古屋)
- (4) 朽名夏麿, 馳澤盛一郎: バッチモード能動学習による顕微鏡画像の自動分類. 第 55 回日本植物生理学会年会. 2014 年 3 月 20 日. 富山大学五福キャンパス(富山県富山市)
- (5) 朽名夏麿: バッチモード能動学習ソフトウェア CARTA による生物画像の自動分類. 第 36 回分子生物学会年会. 2013 年 12 月 6 日. 神戸国際会議場(兵庫県神戸市)
- (6) 朽名夏麿, 馳澤盛一郎: 能動学習を用いた画像分類法による細胞周期推定. 日本植物学会第 77 回大会. 2013 年 9 月 13 日. 北海道大学札幌キャンパス(北海道札幌市)
- (7) 朽名夏麿: 植物細胞の画像クラスタリングとパターン認識. 第 46 回日本発生物学大会. 2013 年 5 月 28 日. くにびきメッセ(島根県松江市)
- (8) 朽名夏麿: 生物・医用画像の解析のための適応的画像分類アルゴリズムの開発. 第 37 回日本顕微鏡学会関東支部講演会. 2013 年 3 月 6 日. 東京大学本郷キャンパス山上会館(東京都文京区)
- (9) 朽名夏麿, 桧垣匠, 馳澤盛一郎: 生物画像の分類と定量的ためのソフトウェア開発. 日本植物学会第 76 回大会. 2012 年 9 月 15 日. 兵庫県立大学姫路書写キャンパス(兵庫県姫路市)

[その他]

画像解析ソフトウェア群 KBI (KashiwaBioimageInformatics) ImageJ plugins 頒布サイト: <http://hasezawa.ib.k-utokyo.ac.jp/kbi/ImageJKbiPlugins>

6. 研究組織

(1) 研究代表者

朽名 夏麿 (KUTSUNA, Natsumaro)  
 東京大学・大学院新領域創成科学研究科・助教  
 研究者番号: 70578559

[学会発表] (計 72 件)

- (1) 朽名夏麿, 馳澤盛一郎. ランダム森を用いた顕微鏡画像からのフェノーム解析システムの開発. 第 56 回日本植物生理学会年会. 2015 年 3 月 18 日. 東京農業大学世田谷キャンパス(東京都世田谷区)