

ImageJ+R ハンズオン実習 2014 に参加して（於、奈良先端大学院大学、2014年6月12日）

遺伝子機能解析部門では、2013年度にバイオイメージング画像解析システム（Molecular devices 社、Meta Imaging Series 7.7）を導入しており、共焦点レーザー顕微鏡などで取得した画像の定性および定量解析の支援活動を行っております。一方、ImageJ は世界的に広く普及している無償の画像解析ソフトであり、さらに近年、同じく無償の統計解析ソフトである R も普及してきました。奈良先端大学が植物グローバルトップ教育推進プログラムとして、双方のフリーソフトウェアのハンズオン実習開催されることを知り、遺伝子機能解析部門の支援活動の強化のために本実習に参加しました。本実習は以下のような内容で進行し、その様子を簡単に報告いたします。

開会の挨拶及び植物グローバル紹介

倉田 哲也 奈良先端大学院大学

1. ImageJ によるバイオ画像解析の基礎と実践

朽名 夏磨 東京大学 9:05-12:00

2. 数式なしの統計入門「R」を使った実際

入江 直樹 東京大学 13:00-14:30

3. (R で) 塩基配列解析の利用法：GC 含量計算から発現変動解析まで

門田 幸二 東京大学 14:45-16:15、16:25-18:00

閉会の挨拶

稲田 のりこ 奈良先端大学院大学

いずれも参加者が持参した PC を操作してのハンズオン実習でした。参加者は講習会開催までに各自の PC の OS (Windows か Macintosh) に合わせて、ImageJ と R、さらに講習会で使う資料を各自の PC にインストールして講習会に望みました。講習の実際は、講師の方による演習を各自の PC を使ってハンズオンスタイルで進められました。

1 では、まず画像処理・画像解析の基本的な概念（画素、輝度、ビット深度、輝度ヒストグラム）の説明につづき、ImageJ のインストールの仕方や各ウィンドウの説明がありました。さらに対象物の形態の解析として、植物葉の葉緑体

や気孔のアクチン線維などを題材として、特定の領域の抽出方法、粒子解析、線維解析の演習があり、マクロによる画像化・省力化についての説明が加えられました。最後に対象物の動きの解析として、植物組織の小胞体のスタック画像を使った小胞体の動きの可視化とその計測方法の演習を行いました。

2と3では、統計のフリーソフトウェアであるRの使い方について演習しました。2では統計の初歩的でありながら重要な点について説明がありました。統計的母集団の重要性、生物学的反復による誤差を積極的に取り組みことの重要性、p-valueが差異の確かさしか意味しないことを認識すること、効果量の重要性を認識すること、さらに多重検定の問題点を認識することなど、基本的でありながら、重要な点について、例題を解きながらの詳しい説明がありました。つづいてRのインストールの仕方から、例題を解きながらのRの使い方の説明が演習スタイルで行われました。Rでは種々の関数のオープンソースを利用して計算が行える点や、必要に応じて自分でマクロを作成して、データを解析できることを学びました。Rを使えばほとんどの統計検定ができることも知りました。3ではゲノム情報のデータベースを題材にして、Rを使ってGC含量計算やクラスタリングなどの解析ができることを演習から学びました。

今回の実習に参加して、ImageJとRの双方のフリーソフトウェアの使い方の大まかな点が分かりました。顕微鏡で取得した画像には、単にサンプル間の形態の比較などの直感的で定性的な違いを理解する情報だけに留まらず、観察者の切り口しだいで引き出せる多くの情報が詰まっていることを実感しました。こうしたソフトウェアを自在に扱うには、利用者各自が集中的にソフトウェアを使ってデータを解析する時間を十分にとり、扱いに慣れることが必要であることも感じました。遺伝子機能解析部門で導入した画像解析システムには、フリーソフトウェアで解析できることを迅速に処理可能な面があり、今後の遺伝子機能解析部門の画像解析支援活動に活かしたいと思います。

(西村 記)