慶應義塾大学学術情報リポジトリ
Keio Associated Repository of Academic resouces

Title	深層学習を用いたマウス胚核同定画像解析アルゴリズムの開発
Sub Title	Development of deep learning-based nuclear detection algorithm for mouse embryo
Author	舟橋, 啓(Funahashi, Akira) 山田, 貴大(Yamada, Takahiro) 徳岡, 雄大(Tokuoka, Yūta) 吉見, 祐亮(Yoshimi, Yūsuke) 大岡, 麻耶(Ōoka, Maya) 西本, 勝利(Nishimoto, Shōri) 本室, 美貴子(Motomuro, Mikiko) 中谷, 諒(Nakatani, Ryō) 山縣, 一夫(Yamagata, Kazuo) 広井, 賀子(Hiroi, Noriko)
Publisher	
Publication year	2020
Jtitle	科学研究費補助金研究成果報告書 (2019.)
JaLC DOI	
Abstract	深層学習 (Deep Learning) を利用することで、今まで困難だったマウス胚発生の4次元蛍光顕微鏡画像から核同定を行う画像処理アルゴリズムを開発した。既存のマウス胚発生における細胞動態の解析では、4次元顕微鏡画像に対しては16細胞期以降の核同定の精度は非常に低くなってしまうといった問題点があった。本研究課題では、近年画像解析にて強力な手法として注目を集めている深層学習を用いた核同定アルゴリズムを開発し、50細胞期までの正確な核同定を行い、胚の質を評価し得る定量的な指標の獲得を行った。 Using deep learning, we developed an image processing algorithm to identify nuclei from the 4-dimensional fluorescence microscopic images of mouse embryo development. The existing analysis of cell dynamics in mouse embryogenesis has a problem that the accuracy of nuclear identification after 16 cell stages is very low for the 4D microscopy images. In this research, we developed a nuclear identification algorithm using deep learning, which has recently attracted attention as a powerful technique in image analysis. Our algorithm performed accurate nuclear identification up to the 50 cell stage to obtain quantitative criteria that can evaluate the quality of embryos.
Notes	研究種目 : 基盤研究 (B) (一般) 研究期間 : 2016 ~ 2019 課題番号 : 16H04731 研究分野 : 定量生物学
Genre	Research Paper
URL	https://koara.lib.keio.ac.jp/xoonips/modules/xoonips/detail.php?koara_id=KAKEN_16H04731seika

慶應義塾大学学術情報リポジトリ(KOARA)に掲載されているコンテンツの著作権は、それぞれの著作者、学会または出版社/発行者に帰属し、その権利は著作権法によって保護されています。引用にあたっては、著作権法を遵守してご利用ください。

The copyrights of content available on the KeiO Associated Repository of Academic resources (KOARA) belong to the respective authors, academic societies, or publishers/issuers, and these rights are protected by the Japanese Copyright Act. When quoting the content, please follow the Japanese copyright act.

様　式　Ｃ－１９、Ｆ－１９－１、Ｚ－１９　（共通）

科学研究費助成事業　　研究成果報告書

令和　２ 年　 ６ 月　 ９ 日現在

機関番号：３２６１２
研究種目：基盤研究(B)（一般）
研究期間：2016～2019
課題番号：１６Ｈ０４７３１

研究課題名（和文）深層学習を用いたマウス胚核同定画像解析アルゴリズムの開発

研究課題名（英文）Development of Deep Learning-based Nuclear Detection Algorithm for Mouse Embryo

研究代表者
舟橋　啓（Funahashi, Akira）

慶應義塾大学・理工学部（矢上）・准教授

研究者番号：７０３２４５４８

交付決定額（研究期間全体）：（直接経費）　　12,600,000円

研究成果の概要（和文）：深層学習(Deep Learning)を利用することで、今まで困難だったマウス胚発生の4次元蛍光顕微鏡画像から核同定を行う画像処理アルゴリズムを開発した。既存のマウス胚発生における細胞動態の解析では、4次元顕微鏡画像に対しては16細胞期以降の核同定の精度は非常に低くなってしまうといった問題点があった。本研究課題では、近年画像解析にて強力な手法として注目を集めている深層学習を用いた核同定アルゴリズムを開発し、50細胞期までの正確な核同定を行い、胚の質を評価し得る定量的な指標の獲得を行った。

研究成果の学術的意義や社会的意義
学術的意義として、当研究課題で開発したQCANetは、極体を除いた細胞核のセグメンテーションを行うことに成功し、初期マウス発生過程における胚ごとの違いを定量的に比較することが可能であることが示された点が挙げられる。
社会的意義としては、今後QCANetを用いて初期胚を定量的に評価するための最適な指標の探索を行うことで、経験的に定められた指標に代わる、産仔作出能との関連性が高い「胚の質を評価し得る指標」の確立が期待される点が挙げられる。

研究成果の概要（英文）：Using deep learning, we developed an image processing algorithm to identify nuclei from the 4-dimensional fluorescence microscopic images of mouse embryo development. The existing analysis of cell dynamics in mouse embryogenesis has a problem that the accuracy of nuclear identification after 16 cell stages is very low for the 4D microscopy images. In this research, we developed a nuclear identification algorithm using deep learning, which has recently attracted attention as a powerful technique in image analysis. Our algorithm performed accurate nuclear identification up to the 50 cell stage to obtain quantitative criteria that can evaluate the quality of embryos.

研究分野：定量生物学

キーワード：画像解析　機械学習　深層学習　発生・分化

※科研費による研究は、研究者の自覚と責任において実施するものです。そのため、研究の実施や研究成果の公表等については、国の要請等に基づくものではなく、その研究成果に関する見解や責任は、研究者個人に帰属されます。

様　式　C－１９、F－１９－１、Z－１９（共通）

１．研究開始当初の背景

・胚の質を定量的に評価する指標が望まれている

現在、体外受精や胚移植の成功率は非常に低く、原因の 1 つとして高齢化等の影響による胚の質の低下が挙げられている。先行研究では、マウス胚の初期発生を共焦点顕微鏡を用いて経時観察し、実際にその胚をマウス母胎内に戻したときの産仔作出能との相関関係を調べている。具体的には、核内のヒストンを染色することで取得した画像に対し、画像処理を用いて様々な指標の定量化を行い、得られた指標と産仔作出能との関連性を統計的に調べ、「胚の質を評価し得る指標」の確立を目指している。具体的な指標としては、発生速度、卵割同期性、染色体分配異常が挙げられている[1]が、上述した画像処理においてその精度の低さから正確な指標は確立されていない。

・4 次元蛍光顕微鏡画像の画像解析は困難である

近年の顕微鏡技術の発展により、100nm 程度の空間分解能と数十 ms の時間分解能を同時に実現することが可能になる[2]など、時空間解像度は著しい向上を示している。これらの光学技術にピエゾ素子を用いたステージを組み合わせる事によって細胞の 3 次元経時変化画像(4 次元画像)を 100ms 程度の時間分解能で大量に取得することが可能となってきている。このような背景を踏まえ、細胞画像に代表されるバイオイメージの画像解析においても 2 次元画像から多次元画像に対応した画像処理アルゴリズムの必要性が高まってきている。しかしながら、4 次元画像に対する画像解析の正答率は極めて低い。この原因は(1) z 軸方向での励起光強度に差異があるため、(2) mRNA の導入によって蛍光タンパク質を発現させているため時間とともに 1 細胞内の蛍光タンパク質の量が減少したため、(3) 細胞毒性や撮影速度との兼ね合いから空間分解能を低く設定しているため、の 3 点だと考えられる。原因(1)により z 軸方向における各画像の画質の差異が、また原因(2)により時間方向での画質の差異が生み出されていることになる。画像解析時において各画像の特徴を抽出することは画像解析の成否を決定する重要な要素であるにもかかわらず、現状の蛍光顕微鏡画像は時空間的に画像の質が変化してしまう問題点を解決できておらず、その結果 4 次元画像解析は 2 次元の画像解析と比較して画像解析が困難となっている。

・深層学習は画像の特徴を自動的に発見することが可能である

深層学習(Deep Learning)は多層のニューラルネットワークを用いる機械学習の方法論であり、画像解析や音声解析の分野で従来の方法を上回る高い性能を示したことで近年大きな注目を集めている[3]。深層学習の最大の特徴は、解析者が手で設計した特徴量(核を表す特徴的な形状、輝度分布等)を用いない点である。多層ニューラルネットワークの教師あり、教師なし学習によって認識に有効な特徴を自動的に発見できるのが高い性能を示す秘密であり、注目を集めている理由である。本研究課題では深層学習を用いることで従来の画像解析アルゴリズムでは困難であった 16 細胞期以降の核同定を行い、胚の質を評価し得る定量的な指標の獲得を目指す。

２．研究の目的

本研究では既存の画像解析アルゴリズムでは実現されていない、高精度核同定アルゴリズムの構築を深層学習を用いることで実現する。深層学習は画像の特徴を自動的に発見できるという魅力的な長所を持つが、一方で学習に時間がかかる、特徴を発見するためにニューラルネットワークの構造を工夫する必要がある。当研究課題では上記 2 点の解決に注力し、16 細胞期以降における核同定の正答率を引き上げることを目的とした。

３．研究の方法

(1) QCANet の実装

本研究課題にて開発した Quantitative Criteria Acquisition Network (QCANet) は、細胞核セグメンテーションタスクを学習させた Nuclear Segmentation Network (NSN) と、細胞核同定タスクを学習させた Nuclear Detection Network (NDN) から構成される(図 1 下段)。QCANet は時系列 3D 蛍光顕微鏡画像に対して各時刻の 3D 画像のセグメンテーションを行う。図 1 上段に 4 細胞期の 3D 蛍光顕微鏡画像におけるセグメンテーションを行う例を示す。時系列画像を入力する場合、各時刻におけるセグメンテーション処理は以下の手順で実行される。(1) 入力された蛍光顕微鏡画像の前処理を行う。前処理後の画像から、NSN により核領域をセグメンテーションした画像と、NDN により核中心を同定した画像を並列に出力する。(2)後処理では NDN で同定した核中心領域から marker-based watershed により、NSN で推定したセグメンテーション領域を分割する。上記処理により、核領域の融合が生じないセグメンテーションが達成される。

図 1 上段のように時系列画像を逐次的に QCANet へ入力することで、各時刻におけるセグメンテーション画像が出力される。最終的に取得された時系列セグメンテーション画像から、マウス初期発生過程の定量的指標である細胞核数や細胞核体積などの時系列変化を抽出する。QCANet はオープンソースソフトウェアであり、https://github.com/funalab/QCANet か

らダウンロード可能である。

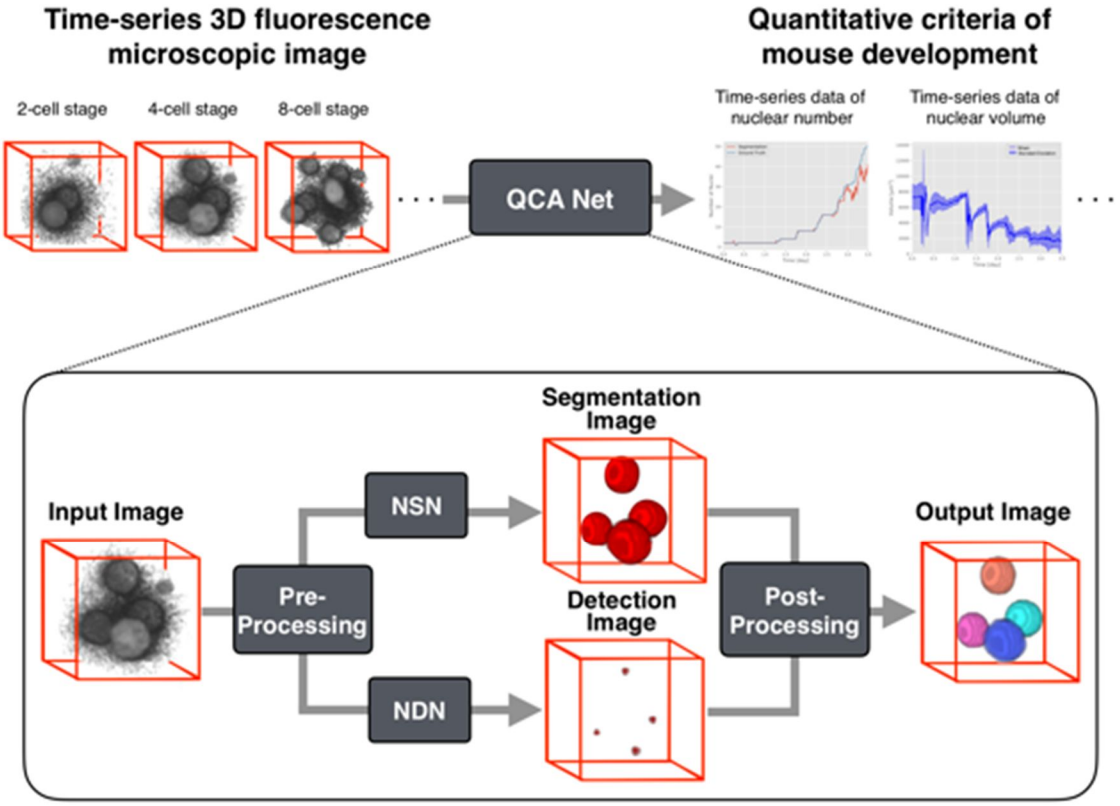

図 1: QCANet **の概念図**

(2) **データセット**

共焦点顕微鏡で撮像したマウス初期胚の時系列データを学習および評価対象の画像データとした。このデータは、細胞核を H2B mRFP1 **により蛍光標識したマウス初期胚をライブセルイメージングにより取得した時系列** 3D **蛍光顕微鏡画像であり、前核期より最大で** 53 **細胞期までの発生過程** (10 **分間隔,** 全 502 time point) **を観察したものである。**

細胞核セグメンテーションのタスクを学習させる Ground Truth **は、マウス** 1 **胚から** 18 time point **をサンプリングした後、各** 3D **蛍光顕微鏡画像から正解核領域を画像解析ソフトウェアである** Fiji [4] **を用いて手動で作成した。また核同定のタスクを学習させる** Ground Truth **も、** 1 **胚から同様の** 18 time points **をサンプリングした後、** 3D **蛍光顕微鏡画像から手動で作成した。作成した核の中心領域は、核の重心座標を中心とした直径** 5 voxels **の球体とした。この大きさは、近接している核中心領域同士が接触しない最大直径である。また、減数分裂時に形成される極体は発生と共に消滅するため、核として学習させるべきではないことから正解データには含めていない。**

4．研究成果

(1) QCANet **のセグメンテーション評価**

セグメンテーションの評価には、IoU **と** MUCov **を用いた。**QCANet **を評価するにあたり、比較対象として** NDN **を除いた** QCANet (QCANet w / o NDN) **と、代表的な** 3D **バイオイメージのセグメンテーションアルゴリズムである** 3D U-Net [5] **を用いた。**QCANet**、**QCANet w / o NDN **および** 3D U-Net **の学習評価は、マウス初期胚の細胞核を標識した** 3D **蛍光顕微鏡画像** 18 **データを用いて** 6 **分割交差検証により行なった。**

IoU **は核領域が正しくセグメンテーションされているかを示す指標で、**QCANet **および** QCANet w / o NDN **が** 3D U-Net **の精度を上回った** (**表** 1)**。また、**MUCov **は核領域が正確に分割されてセグメンテーションされているかを示す指標で、**QCANet **が** QCANet w / o NDN **および** 3D U-Net **を上回った** (**表** 1)**。**

表 1. **セグメンテーション精度の比較: 各指標の値は平均と標準偏差を表している。**

Model	IoU	MUCov
QCANet	**0.817 (0.121)**	**0.801 (0.117)**
QCANet w / o NDN	0.813 (0.121)	0.647 (0.130)
3D U-Net	0.665 (0.123)	0.334 (0.120)

また、QCANet 及び 3D U-Net の定性的なセグメンテーション結果の比較を行なった。学習に用いた個体と同じマウス胚におけるセグメンテーション結果を図 2 に示す。

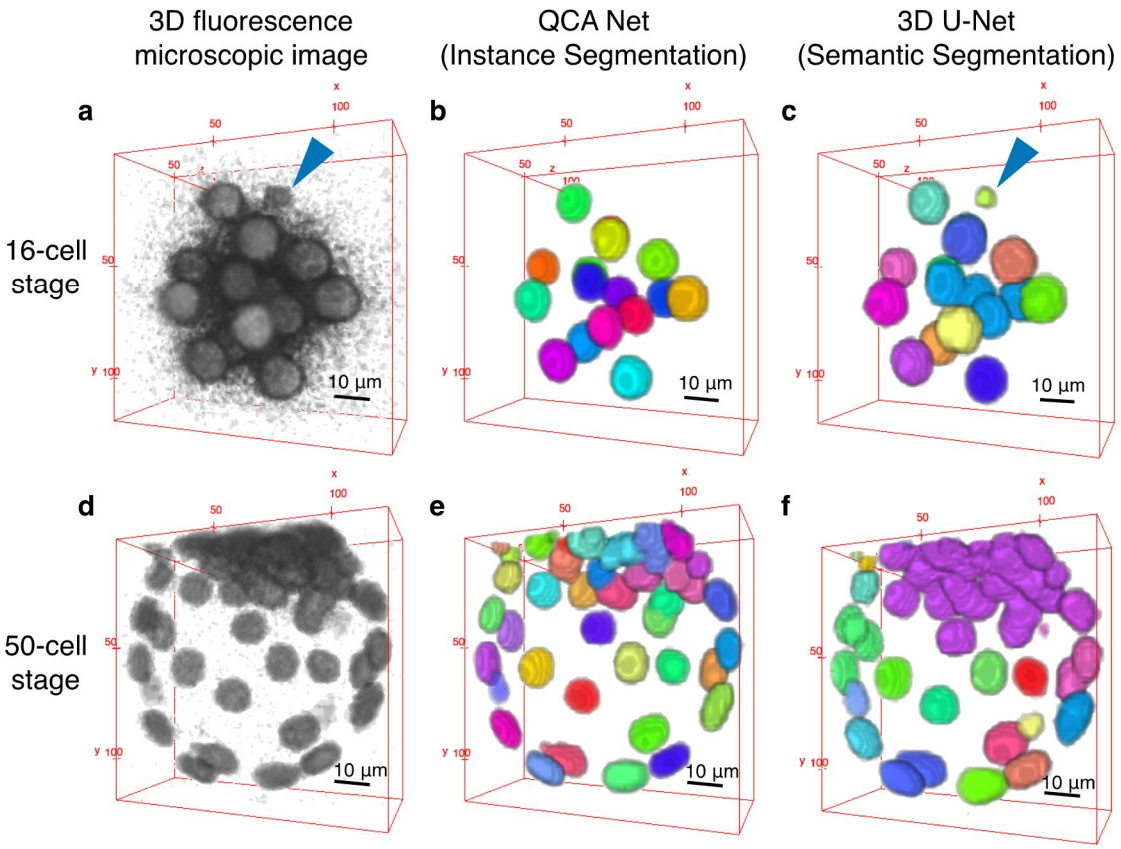

図 2: 定性的なセグメンテーション結果の比較。セグメンテーションされた核ごとに異なる色で表している。また、青矢頭は極体を表している。

図 2 a,d は セグメンテーション対象の 3D 蛍光顕微鏡画像で、それぞれ核が蛍光標識された 16 細胞期と 50 細胞期のマウス胚を表している。図.2 b,e は QCANet によるセグメンテーション結果を表している。定性的に核領域が正確に分割されていることがわかり、正確なセグメンテーションが行われている。一方で、図 2 c,f は 3D U-Net によるセグメンテーション結果を表している。先行研究で提案された 3D U-Net では、定性的に核領域の融合が生じていることがわかり、正確なセグメンテーションが行われていないと言える。
また、特筆すべき点として、図 2 a の青矢頭で示されている減数分裂過程で形成される極体が、図 2 b ではセグメンテーションされていないことがある。 極体は細胞質をほとんど持たないが核を持つため蛍光標識されてしまい、一般的な画像処理により取り除くことは困難である。図 2 b において極体がセグメンテーションされていないことから、極体を認識していることがわかる。一方で図 2 c では極体がセグメンテーションされる過誤を生じていることがわかる。

(2) マウス初期発生過程の定量的指標抽出

QCANet により取得した時系列セグメンテーション画像から、マウス初期発生過程の定量的指標を抽出した結果について述べる。マウス初期発生過程の定量的指標として、細胞核数・体積・表面積・重心座標の時間変化を抽出した。これらは、検証データセットのマウス胚についてそれぞれセグメンテーションを行なった結果から抽出した発生過程の定量的指標を示している。
はじめに、各胚における細胞核数の時間変化を抽出した (図 3a)。青線で表された Ground Truth と比較して、細胞核数の時間変化も高精度に抽出されていると言える。
次に、細胞核体積の時間変化を抽出した (図 3b)。各胚において、細胞核体積が急激に小さくなった後に戻るという傾向が周期的に観察された (図 3b, 緑矢頭)。Zebrafish 胚の細胞核体積にも同様の傾向が観察されることが報告されており[6]、anaphase における核の凝集から引き起こされていると考えられている。細胞核数の時間変化から推測される anaphase と同じ時間において細胞核体積の急激な変化が観察されることから、細胞核体積の時間変化も高精度に抽出されていると言える (図 3a,b)。また前核期から 2 細胞期における細胞核の体積は、約 5,000 ~ 10,000 μm^3 であることがわかる (図 3b)。先行研究において 2 細胞期におけるマウス胚の体積が約 56,000 μm^3 であることが報告されており[7]、このことから抽出された細胞核

のスケールは同程度の範囲に収まっており、妥当な値であると言える。また、細胞核表面積の時間変化も抽出した (図 3c)。細胞核体積の時間変化と同じく、anaphase の特徴を捉えていることがわかる (図 3c, 緑矢頭)。
最後に、細胞核重心座標の時間変化を抽出した (図 3d)。色は発生が進むと共に、寒色から暖色へとシフトしている。発生が進むと共に、内部の隙間が広がり、桑実胚から胚盤胞へと変化する。また、球状の外壁を形成する細胞の外装は、外胚葉と呼ばれ胚体外組織の元となる[8]。時間が進むと共に内部の隙間が広がっている様子が観察され、胚盤胞が形成されていることがわかる。このことから、細胞核重心座標の時間変化は高精度に抽出されていると言える。

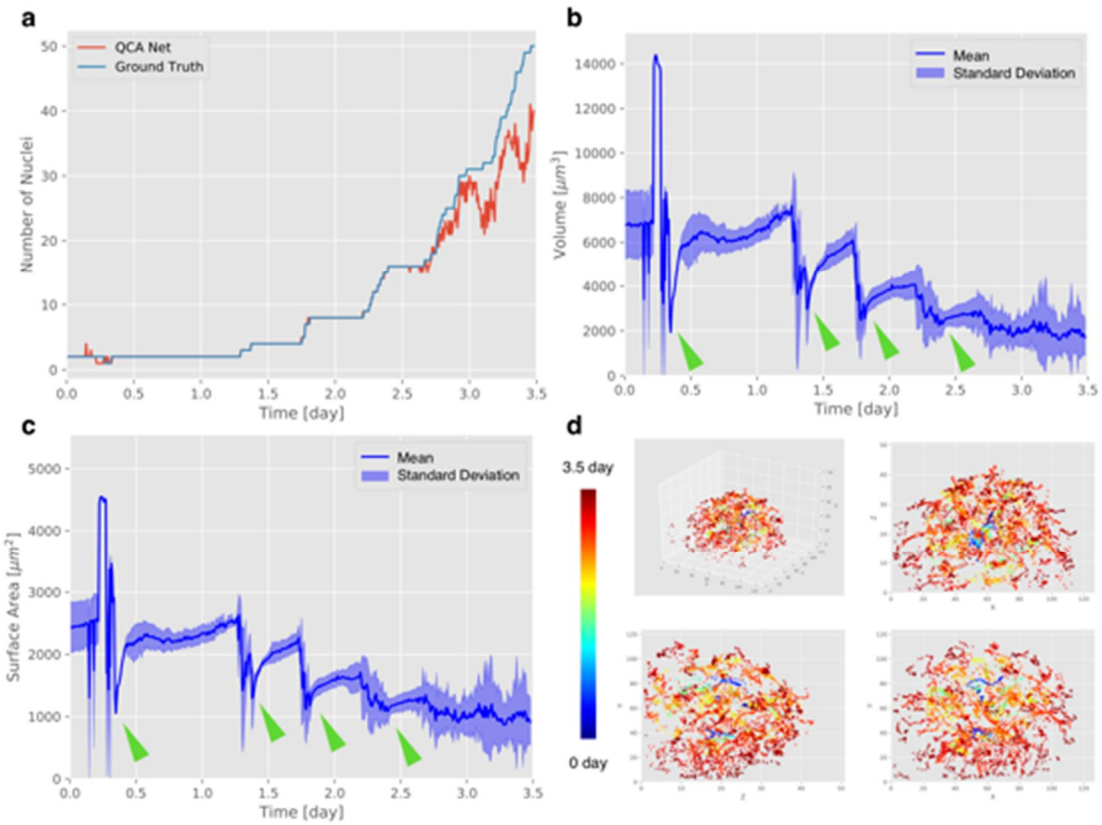

図 3: QCANet により抽出されたマウス初期発生過程の定量的指標

ここまでの結果から、QCANet により、マウス初期発生過程の定量的指標を抽出し、胚における初期発生ダイナミクスを定量的に評価することが可能であることがわかった。

参考文献

[1] Mizutani E, et al. Developmental biology, 364(1), 56-65, 2012.
[2] Hayashi E, et al. Mol. Biol. Cell, 26(9) 1743–1751, 2015.
[3] Le QV, et al. ICML, 2012.
[4] Schindelin, Johannes, et al. Nature methods 9.7 (2012): 676.
[5] Çiçek, Özgün, et al. International conference on medical image computing and computer-assisted intervention. Springer, Cham, 2016.
[6] Puah, Wee Choo, Rambabu Chinta, and Martin Wasser. Biology open 6.3 (2017): 390-401.
[7] Pogorelova, M. A., et al. Doklady Biological Sciences. Vol. 418. No. 1.
[8] Fleming, Tom P. Developmental biology 119.2 (1987): 520-531.

５．主な発表論文等

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

１．著者名 N Hiroi, VM Draviam, A Funahashi	４．巻 7
２．論文標題 Quantitative Biology: Dynamics of Living Systems	５．発行年 2016年
３．雑誌名 Frontiers in Physiology	６．最初と最後の頁 ―
掲載論文のDOI（デジタルオブジェクト識別子） 10.3389/fphys.2016.00196	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 該当する

１．著者名 Nishimoto Shori, Tokuoka Yuta, Yamada Takahiro G., Hiroi Noriko F., Funahashi Akira	４．巻 14
２．論文標題 Predicting the future direction of cell movement with convolutional neural networks	５．発行年 2019年
３．雑誌名 PLOS ONE	６．最初と最後の頁 ー
掲載論文のDOI（デジタルオブジェクト識別子） 10.1371/journal.pone.0221245	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 Ooka Maya, Tokuoka Yuta, Nishimoto Shori, Hiroi Noriko F., Yamada Takahiro G., Funahashi Akira	４．巻 9
２．論文標題 Deep Learning for Non-Invasive Determination of the Differentiation Status of Human Neuronal Cells by Using Phase-Contrast Photomicrographs	５．発行年 2019年
３．雑誌名 Applied Sciences	６．最初と最後の頁 5503
掲載論文のDOI（デジタルオブジェクト識別子） 10.3390/app9245503	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 ―

〔学会発表〕　計32件（うち招待講演　19件／うち国際学会　14件）

１．発表者名 舟橋 啓
２．発表標題 ディープラーニングを用いたマウス発生過程における定量的指標の獲得
３．学会等名 第36回 日本受精着床学会総会・学術講演会（招待講演）
４．発表年 2018年

１．発表者名
Nishimoto, S

２．発表標題
Deep Learning Based Tissue Analysis for Predicting Cancer Outcomes Accounting for Intratumoral Heterogeneity

３．学会等名
Seminar at University of Nottingham（招待講演）（国際学会）

４．発表年
2019年

１．発表者名
Funahashi, A.

２．発表標題
Convolutional Neural Network-Based Instance Segmentation Algorithm to Acquire Quantitative Criteria of Early Mouse Development

３．学会等名
Seminar at University of Nottingham（招待講演）（国際学会）

４．発表年
2019年

１．発表者名
徳岡雄大，山田貴大，広井賀子，小林徹也，山縣一夫，舟橋啓

２．発表標題
不妊治療に資する深層学習を用いた初期胚定量評価手法の開発

３．学会等名
第18回日本再生医療学会総会（招待講演）

４．発表年
2019年

１．発表者名
Funahashi, A.

２．発表標題
CellDesigner - Modeling Tool for Biochemical Networks

３．学会等名
COMBINE & de.NBI Tutorial: Modelling and Simulation Tools in Systems Biology（国際学会）

４．発表年
2018年

１．発表者名
Motomuro, M., Yamamoto, K., Yamada, T. G., Hiroi, N. F., Kimura, A. and Funahashi, A.

２．発表標題
Mechanical Modeling of Cell Migration During the Early Embryogenesis of C. elegans to Reveal the Mechanism for Controlling Cell Arrangement

３．学会等名
The Seventh Annual Winter Q-Bio Meeting（国際学会）

４．発表年
2019年

１．発表者名
Shori Nishimoto, Yuta Tokuoka, Takahiro G Yamada, Noriko Hiroi, Akira Funahashi

２．発表標題
Predicting the future direction of cell movement with convolutional neural networks

３．学会等名
19th International Conference on Systems Biology（国際学会）

４．発表年
2018年

１．発表者名
Tokuoka, Y., Yamada, TG., Hiroi, NF., Kobayashi, TJ., Yamagata, K. and Funahashi, A.

２．発表標題
Convolutional Neural Network-Based Instance Segmentation Algorithm to Acquire Quantitative Criteria of Early Mouse Development

３．学会等名
19th International Conference on Systems Biology（国際学会）

４．発表年
2018年

１．発表者名
徳岡雄大，山田貴大，広井賀子，小林徹也，山縣一夫，Cornette Richard，黄川田隆洋，舟橋啓

２．発表標題
生命現象の定量解析に資するConvolutional Neural Networksを基盤とした顕微鏡画像解析手法の開発

３．学会等名
定量生物学の会 第九回年会

４．発表年
2019年

１．発表者名
N Hiroi

２．発表標題
Requirement of spatiotemporal resolution for imaging intracellular temperature distribution

３．学会等名
SPIE Technologies and Applications of Structured Light（国際学会）

４．発表年
2017年

１．発表者名
Y Tokuoka

２．発表標題
Segmenting four-dimensional fluorescence microscopic image using Convolutional Neural Network

３．学会等名
International Conference on Systems Biology 2017（国際学会）

４．発表年
2017年

１．発表者名
A Funahashi

２．発表標題
Segmenting Four-dimensional Fluorescence Microscopic Image using Convolutional Neural Network

３．学会等名
Life of Genomes 2017（招待講演）（国際学会）

４．発表年
2017年

１．発表者名
舟橋 啓

２．発表標題
深層学習が明らかにする細胞顕微鏡画像解析の新展開

３．学会等名
自然科学研究機構 新分野創成センター合同シンポジウム「分野横断・分野融合研究による生命創成を探究する新しい科学の創成」（招待講演）

４．発表年
2018年

１．発表者名
A Funahashi

２．発表標題
Segmenting Four-dimensional Fluorescence Microscopic Image using Convolutional Neural Network

３．学会等名
Integrated Open Systems Unit Seminar（招待講演）

４．発表年
2017年

１．発表者名
Akira Funahashi

２．発表標題
Design and Implementation of High Performance Biochemical Simulator

３．学会等名
LibSBMLSim & Flint Hackathon（招待講演）（国際学会）

４．発表年
2016年

１．発表者名
Akira Funahashi

２．発表標題
CellDesigner: Modeling Tool for Biochemical Networks

３．学会等名
COMBINE Tutorial Modelling and Simulation Tools in Systems Biology（招待講演）（国際学会）

４．発表年
2016年

１．発表者名
舟橋 啓

２．発表標題
4次元画像解析による核同定アルゴリズムの構築

３．学会等名
ネムリユスリカワークショップ2016（招待講演）

４．発表年
2016年

１．発表者名
舟橋 啓

２．発表標題
細胞シミュレーションライブラリLibSBMLSim-v2の設計と実装

３．学会等名
定量生物学の会 第8回年会

４．発表年
2017年

１．発表者名
吉見 祐亮

２．発表標題
細胞質流動に着目した細胞質分裂位置決定モデルの構築

３．学会等名
定量生物学の会 第8回年会

４．発表年
2017年

１．発表者名
徳岡 雄大

２．発表標題
深層学習を用いた3次元蛍光顕微鏡画像セグメンテーションアルゴリズムの提案

３．学会等名
定量生物学の会 第8回年会（招待講演）

４．発表年
2017年

１．発表者名
舟橋 啓

２．発表標題
リアルタイム制御が導く定量生物学の未来

３．学会等名
定量生物学のNEXT CHALLENGE（招待講演）

４．発表年
2017年

１．発表者名
舟橋 啓

２．発表標題
不妊治療に資する深層学習を用いた初期胚定量評価手法の開発

３．学会等名
Cardiovascular Meeting（招待講演）

４．発表年
2019年

１．発表者名
舟橋 啓

２．発表標題
畳み込みニューラルネットワークを用いた神経分化判別および特徴量解析

３．学会等名
山口大学 AIシステム医学医療研究教育センター セミナー（招待講演）

４．発表年
2019年

１．発表者名
Funahashi, A.

２．発表標題
CellDesigner: A modeling tool for biochemical networks

３．学会等名
COMBINE 2019（招待講演）（国際学会）

４．発表年
2019年

１．発表者名
舟橋 啓, 徳岡 雄大

２．発表標題
機械学習による画像分類

３．学会等名
AIによる生物画像解析トレーニングコース（招待講演）

４．発表年
2019年

１．発表者名
舟橋 啓

２．発表標題
腫瘍内不均一性を考慮した予後の予測に向けた深層学習ベースの組織画像解析

３．学会等名
群馬大学数理データ科学教育研究センター主催第1回レギュラトリー サイエンスセミナー（招待講演）

４．発表年
2019年

１．発表者名
舟橋 啓

２．発表標題
人工知能と医学研究

３．学会等名
群馬大学総合外科学講座 Translational Researchセミナー（招待講演）

４．発表年
2019年

１．発表者名
西本 勝利，徳岡 雄大，山田 貴大，広井 賀子，舟橋 啓

２．発表標題
機械学習による細胞動態解析

３．学会等名
第67回応用物理学会春季学術講演会（招待講演）

４．発表年
2020年

１．発表者名
Funahashi, A.

２．発表標題
CellDesigner

３．学会等名
COMBINE & de.NBI Tutorial: Modelling and Simulation Tools in Systems Biology（国際学会）

４．発表年
2019年

１．発表者名
中谷 諒，板橋 正寛，山田 貴大，広井 賀子，舟橋 啓

２．発表標題
一細胞系譜解析による低グルコース培養下大腸菌集団のATP 濃度多様性生成機構の解明

３．学会等名
定量生物学の会 北海道キャラバン 2019

４．発表年
2019年

１．発表者名
Tokuoka, Y., Yamada, T. G., Hiroi, N. F., Kobayashi, T. J., Yamagata, K., Funahashi, A.

２．発表標題
Deep Learning-based quantitative evaluation of early embryo in infertility treatments

３．学会等名
The 20th International Conference on Systems Biology（国際学会）

４．発表年
2019年

１．発表者名
徳岡 雄大，山田 貴大，小林 徹也，山縣 一夫，舟橋 啓

２．発表標題
画像解析による不妊治療応用を目指した深層学習アルゴリズムの提案：非染色マウス初期胚の細胞核セグメンテーションおよび多様な生物種へのアルゴリズムの適応

３．学会等名
定量生物学の会 北海道キャラバン 2019

４．発表年
2019年

〔図書〕　計0件

〔産業財産権〕

〔その他〕
QCANet: Quantitative Criterion Acquisition Network https://github.com/funalab/QCANet

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
研究協力者	山田　貴大 (YAMADA TAKAHIRO) (20837736)	慶應義塾大学・理工学部・助教 (32612)	
研究協力者	徳岡　雄大 (TOKUOKA YUTA) 	慶應義塾大学・理工学部・博士課程学生 (32612)	
研究協力者	吉見　祐亮 (YOSHIMI YUSUKE) 	慶應義塾大学・理工学部・修士課程学生 (32612)	
研究協力者	大岡　麻耶 (OOKA MAYA) 	慶應義塾大学・理工学部・修士課程学生 (32612)	
研究協力者	西本　勝利 (NISHIMOTO SHORI) 	慶應義塾大学・理工学部・修士課程学生 (32612)	
研究協力者	本室　美貴子 (MOTOMURO MIKIKO) 	慶應義塾大学・理工学部・修士課程学生 (32612)	
研究協力者	中谷　諒 (NAKATANI RYO) 	慶應義塾大学・理工学部・修士課程学生 (32612)	
連携研究者	山縣　一夫 (YAMAGATA KAZUO) (10361312)	近畿大学・生物理工学部・准教授 (34419)	

６．研究組織（つづき）

	氏名 （研究者番号）	所属研究機関・部局・職 （機関番号）	備考
連携研究者	広井　賀子 (HIROI NORIKO) (20548408)	山陽小野田市立山口東京理科大学・薬学部・教授 (25503)	