

# 「生物画像解析を知って・学んで・使う」

## 生物画像解析の実践～タスクに応じた適切な手法の選択～

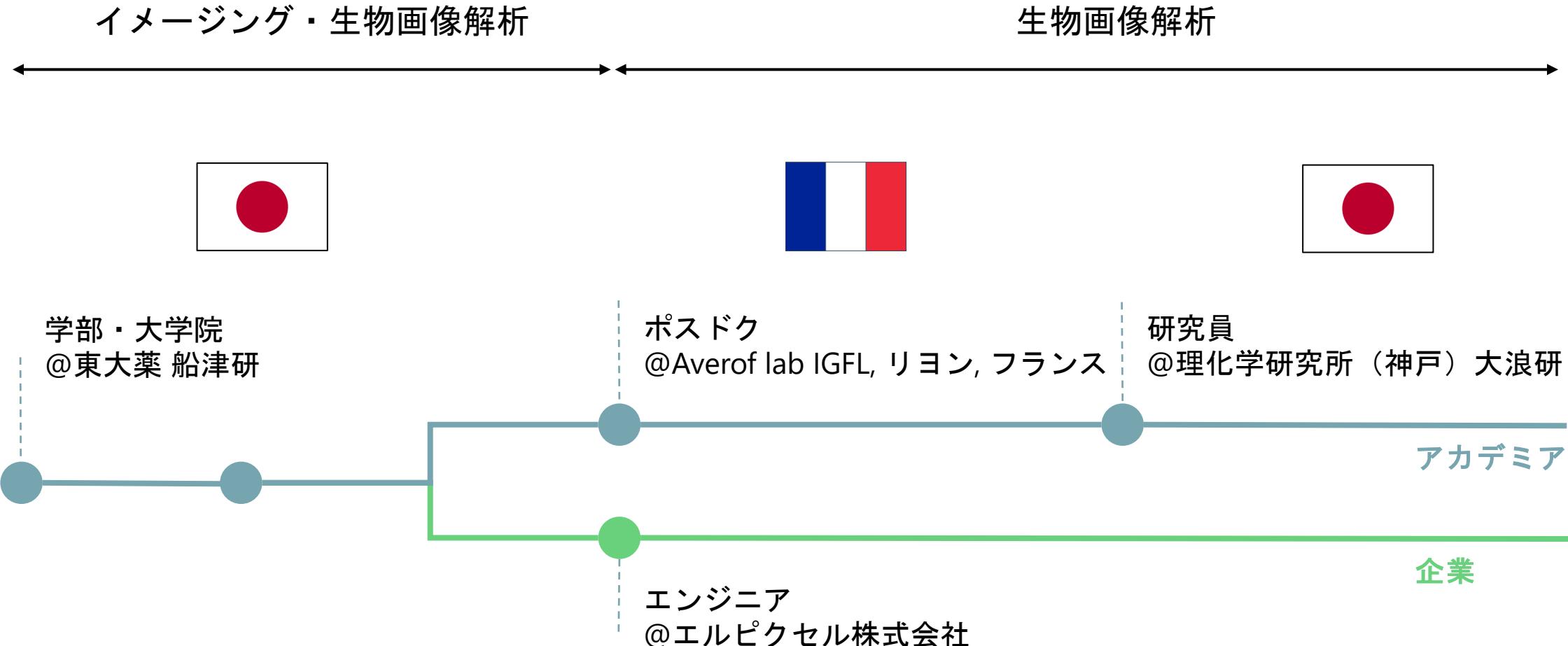
菅原 皓

理化学研究所 生命動態研究センター 研究員

エルピクセル株式会社 研究開発本部 エンジニア

2024年8月15日（木）JST-NBDCデータ解析講習会：AJACS（オンライン）

# 自己紹介



# 講義の概要

- 講義内容
  - この講義では、生物画像解析における主要なタスクに焦点を当て、実践的な戦略と具体的なアプローチをImageJ/Fiji、QuPath、napariといった画像解析ツールを用いて解説します。
- 目標
  - 生物画像解析の実践的な考え方を理解し、適切な手法を選択できる能力を養うことを目指します。

# 本講義で扱う内容と扱わない内容

- 講義で扱う内容
  - 生物画像解析の実践に必要な考え方
  - オープンソース生物画像解析ソフトウェアを用いた生物画像解析の実例
  - 生物画像解析を行なっていくために必要な情報の調べ方
- 本講義で扱わない内容
  - 個々のソフトウェアの使い方の詳細
  - 画像解析により得られた結果の統計処理
  - プログラミング

# 生物画像解析の一般的な流れ

課題設定



解析実行



解析方針決定  
ツール選択



結果の解釈



# 生物画像解析の一般的な流れ

課題設定



解析方針決定  
ツール選択



解析実行



結果の解釈



ここがまず重要！

# 課題設定の例

- ・細胞の画像解析をしたい

# 課題設定の例

- ・細胞の画像解析をしたい



課題設定を明確にする

- ・蛍光顕微鏡で撮像した核染色画像を用いて、画像内全領域における個々の細胞核の面積を定量したい
- ・病理スライド画像を用いて、正常細胞領域とがん細胞領域の比率を定量したい

課題設定によって適切な解析方針や選択するツールが異なる

# 解析方針の検討

- 課題の目的
  - 入力画像の性質
  - 利用可能なツール
  - 利用可能な計算機環境
- などを踏まえて解析方法の検討を行う

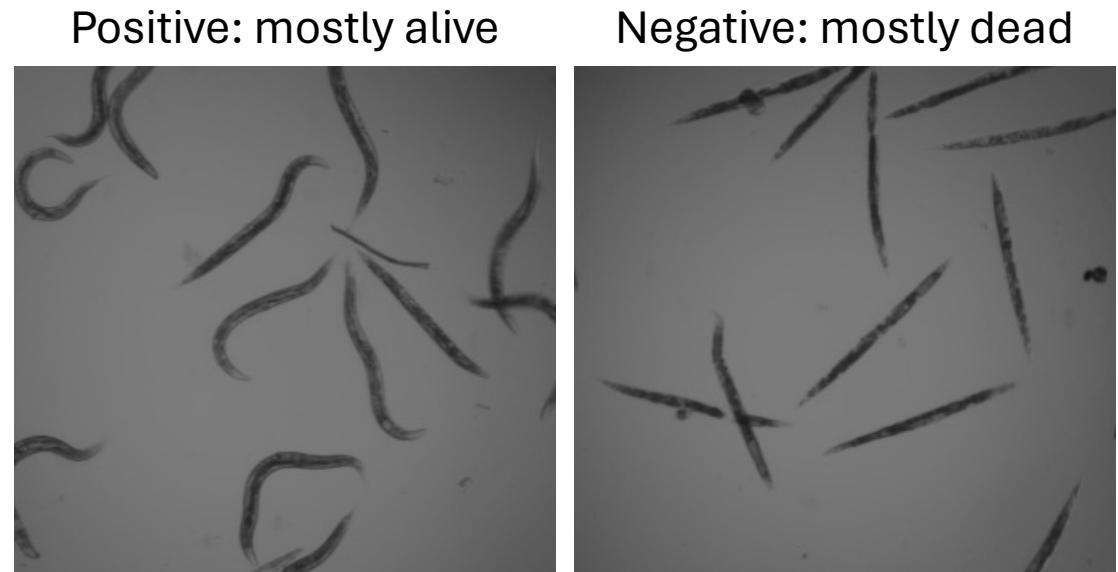
# 主な画像解析タスク

- ・分類
- ・物体検出
- ・セマンティックセグメンテーション
- ・インスタンスセグメンテーション
- ・形態解析
- ・トラッキング
- ・その他（全局在解析、デノイズなど）

キーワードを知っておくと便利

# 主な画像解析タスク

- 分類
- 物体検出
- セマンティックセグメンテーション
- インスタンスセグメンテーション
- 形態解析
- トラッキング
- その他（全局在解析、デノイズなど）



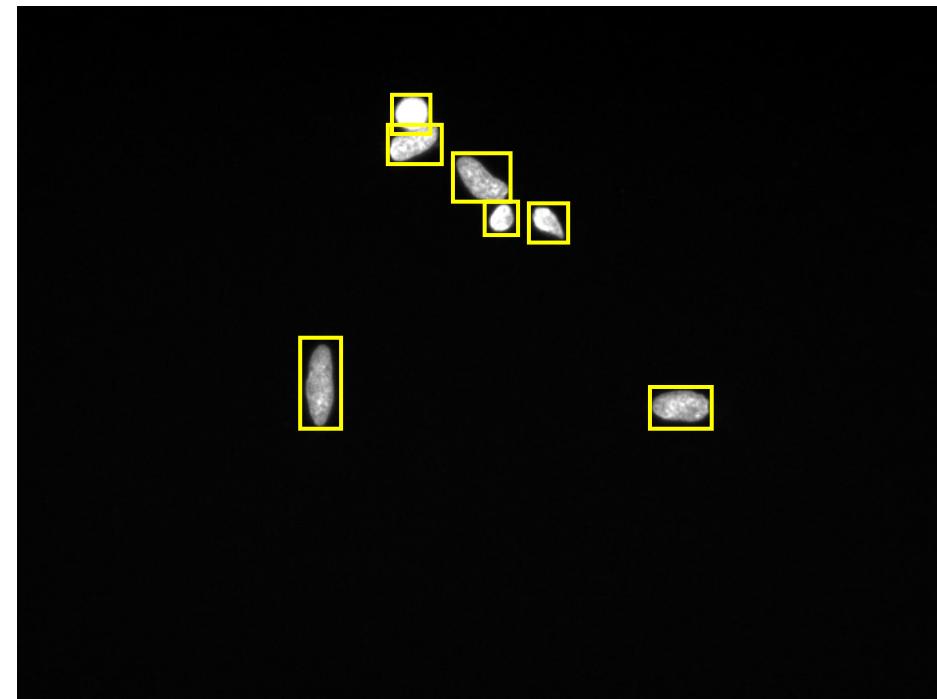
二種類以上のクラスに画像を分類するタスク

画像データ: the *C.elegans* infection live/dead image set version 1 provided by Fred Ausubel and available from the Broad Bioimage Benchmark Collection [[Ljosa et al., Nature Methods, 2012](#)].

Moy et al. ACS Chem. Biol. 4(7), 527-533 (2009). <https://doi.org/10.1021/cb900084v>  
Wählby, C. et al. Nat Methods 9, 714–716 (2012). <https://doi.org/10.1038/nmeth.1984>

# 主な画像解析タスク

- 分類
- 物体検出
- セマンティックセグメンテーション
- インスタンスセグメンテーション
- 形態解析
- トラッキング
- その他（全局在解析、デノイズなど）

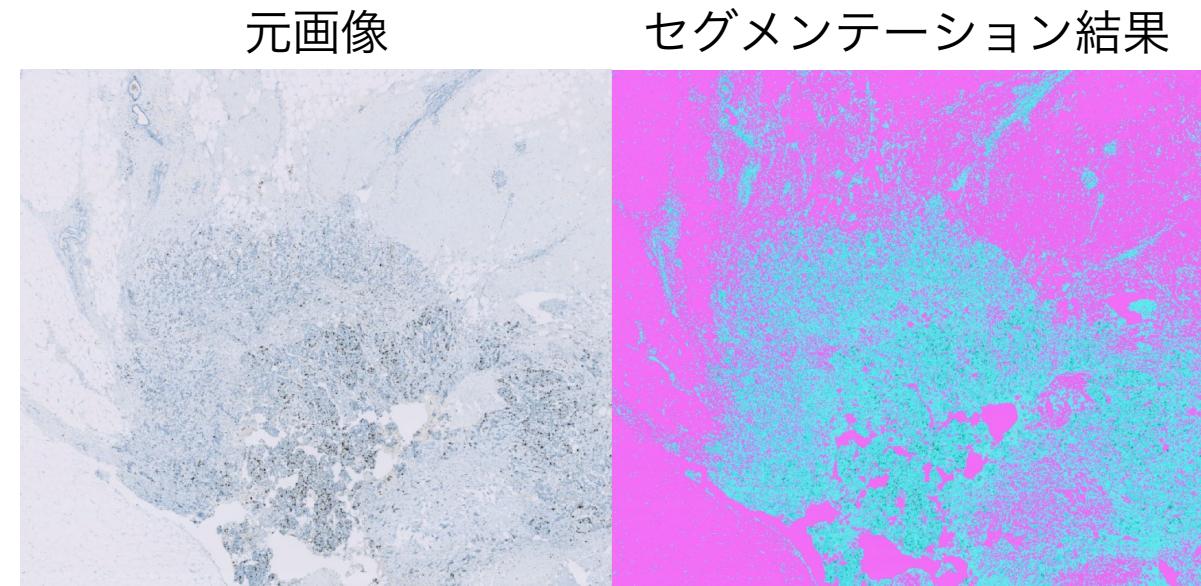


画像内の対象オブジェクトを検出するタスク

画像データ: [BBBC039v1](#) Caicedo et al. 2018, the Broad Bioimage Benchmark Collection [[Ljosa et al., Nature Methods, 2012](#)] CC0

# 主な画像解析タスク

- 分類
- 物体検出
- セマンティックセグメンテーション
- インスタンスセグメンテーション
- 形態解析
- トラッキング
- その他（全局在解析、デノイズなど）

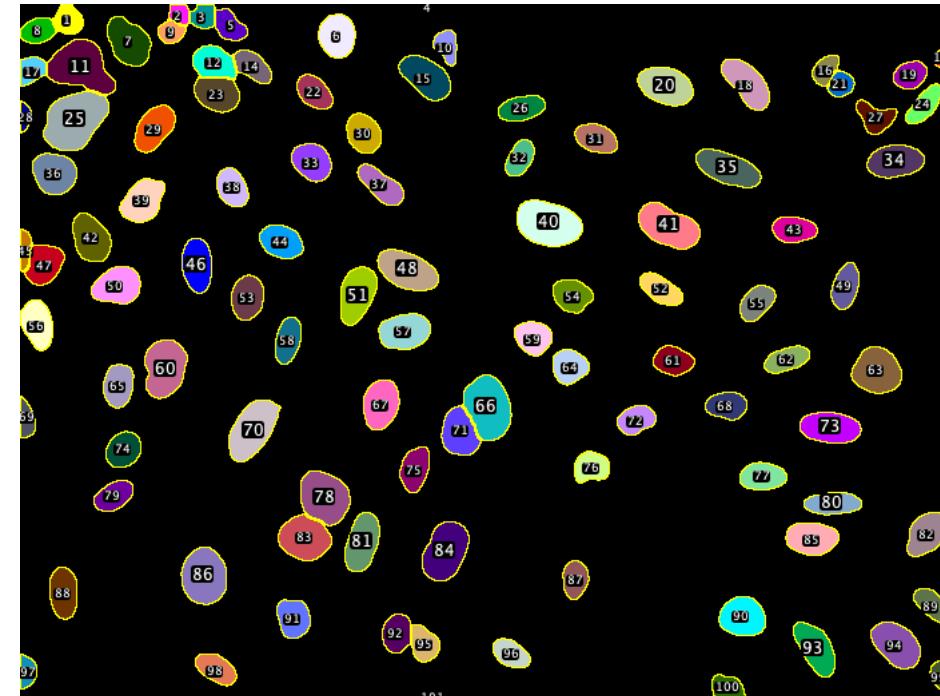


画像内の領域を対象クラスごとに分割

画像データ: OpenSlide Test data OS-2.ndpi  
<https://openslide.cs.cmu.edu/download/openslide-testdata/Hamamatsu/>

# 主な画像解析タスク

- 分類
- 物体検出
- セマンティックセグメンテーション
- インスタンスセグメンテーション
- 形態解析
- トラッキング
- その他（共局在解析、デノイズなど）

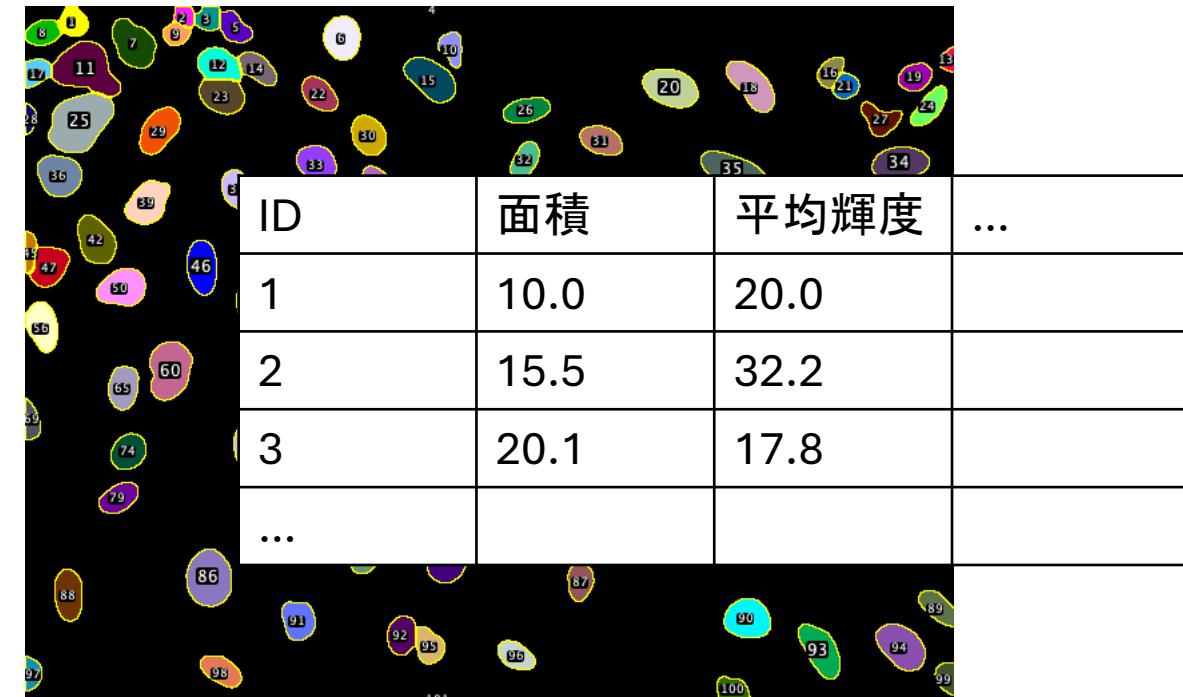


個々の対象オブジェクトの輪郭を検出するタスク

画像データ: BBBC039v1 Caicedo et al. 2018, the Broad Bioimage Benchmark Collection [Ljosa et al., *Nature Methods*, 2012] CC0

# 主な画像解析タスク

- 分類
- 物体検出
- セマンティックセグメンテーション
- インスタンスセグメンテーション
- 形態解析
- トラッキング
- その他（共局在解析、デノイズなど）

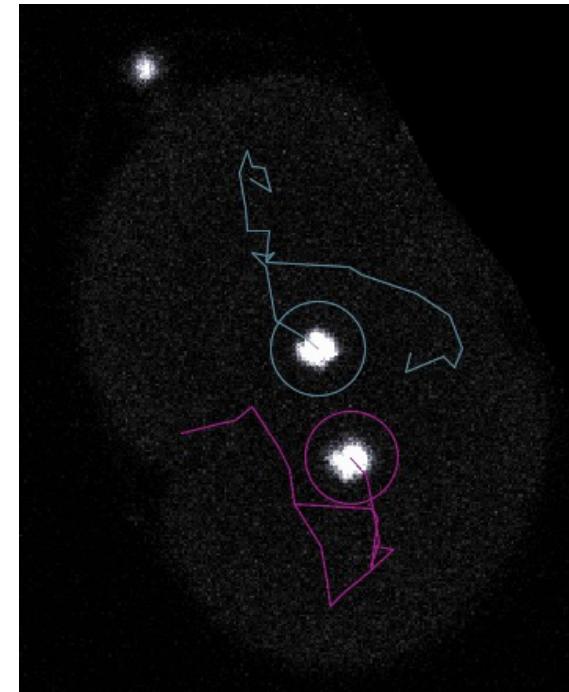


検出オブジェクトの形態情報を解析するタスク

画像データ: BBBC039v1 Caicedo et al. 2018, the Broad Bioimage Benchmark Collection [Ljosa et al., *Nature Methods*, 2012] CC0

# 主な画像解析タスク

- 分類
- 物体検出
- セマンティックセグメンテーション
- インスタンスセグメンテーション
- 形態解析
- トラッキング
- その他（全局在解析、デノイズなど）



対象オブジェクトを追跡し解析するタスク

画像データ: *C.elegans* AZ212 H2B-eGFP 胚発生データ [Celegans-5pc-17timepoints.tif \(94 MB\)](https://imagej.net/plugins/trackmate/tutorials/manual-track-editing).  
Tinevez, J.-Y., TrackMate tutorial (<https://imagej.net/plugins/trackmate/tutorials/manual-track-editing>)

# 生物画像解析オープンソースソフトウェアの歴史

1. Schneider, C. A., Rasband, W. S., & Eliceiri, K. W. (2012).  
*Nature Methods*, 9(7), 671–675. [doi:10.1038/nmeth.2089](https://doi.org/10.1038/nmeth.2089)

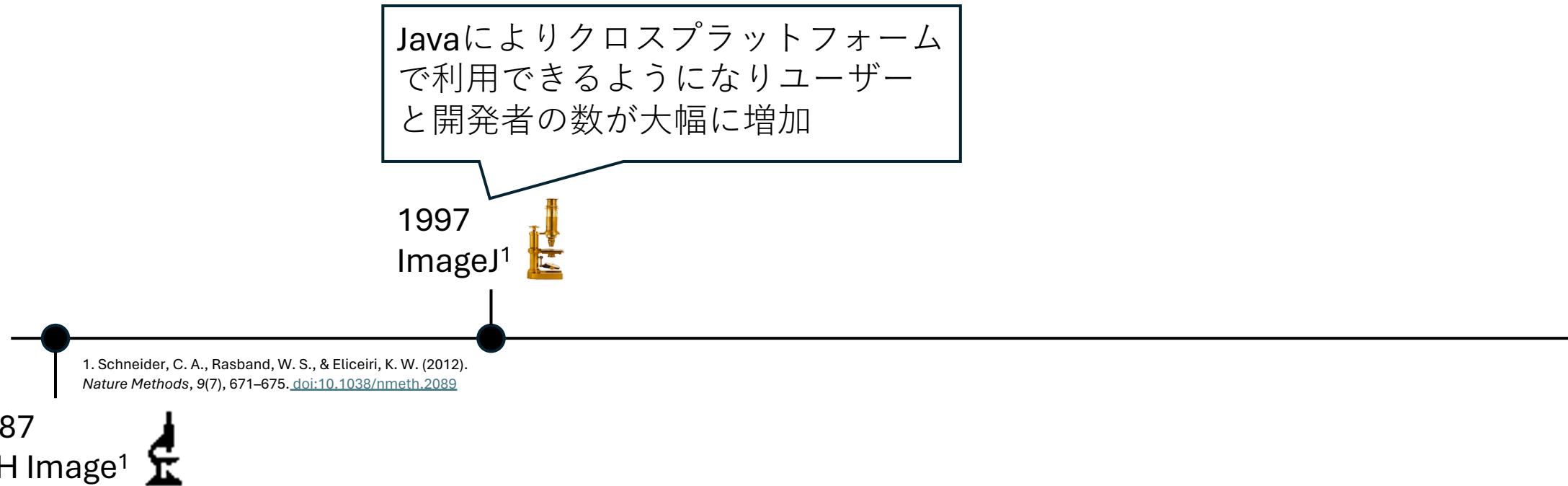
1987

NIH Image<sup>1</sup>

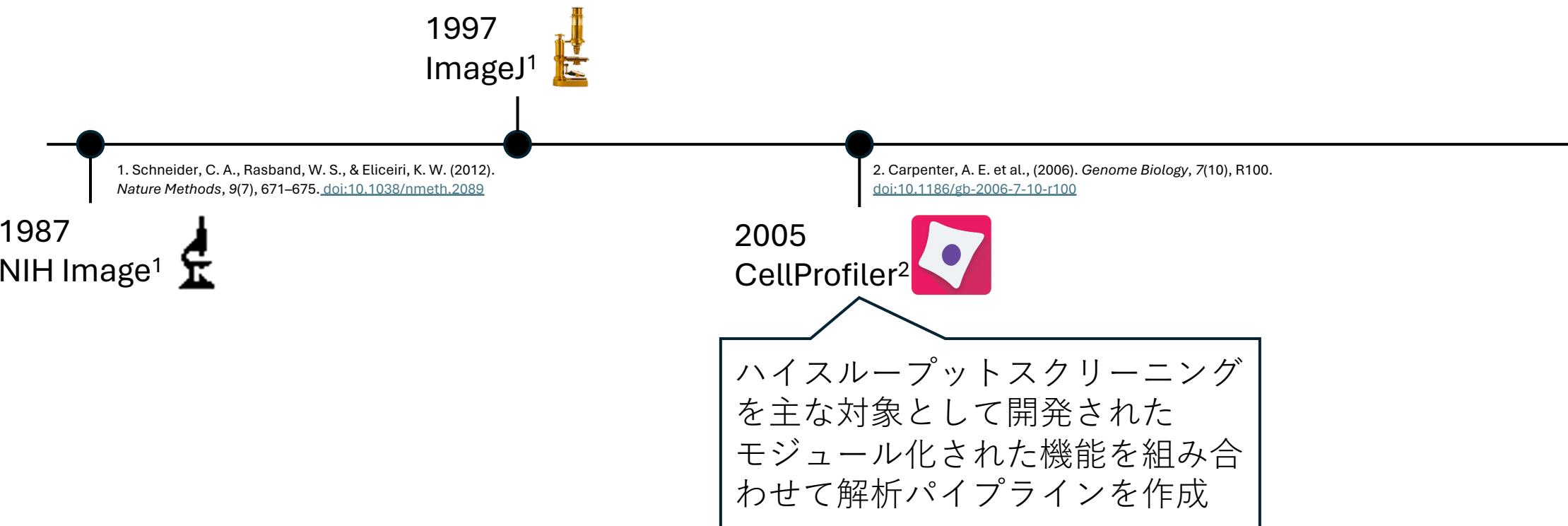


アメリカ国立衛生研究所の  
Wayne RasbandがMac向けに開発  
した汎用画像解析ソフトウェア  
ImageJの元となった

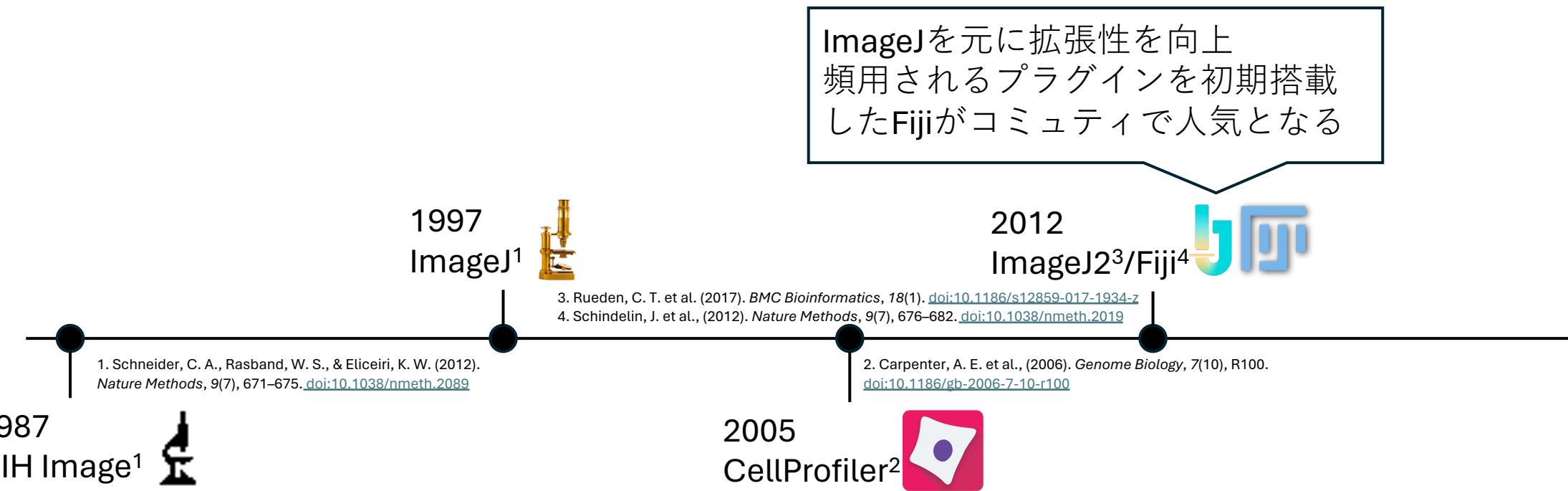
# 生物画像解析オープンソースソフトウェアの歴史



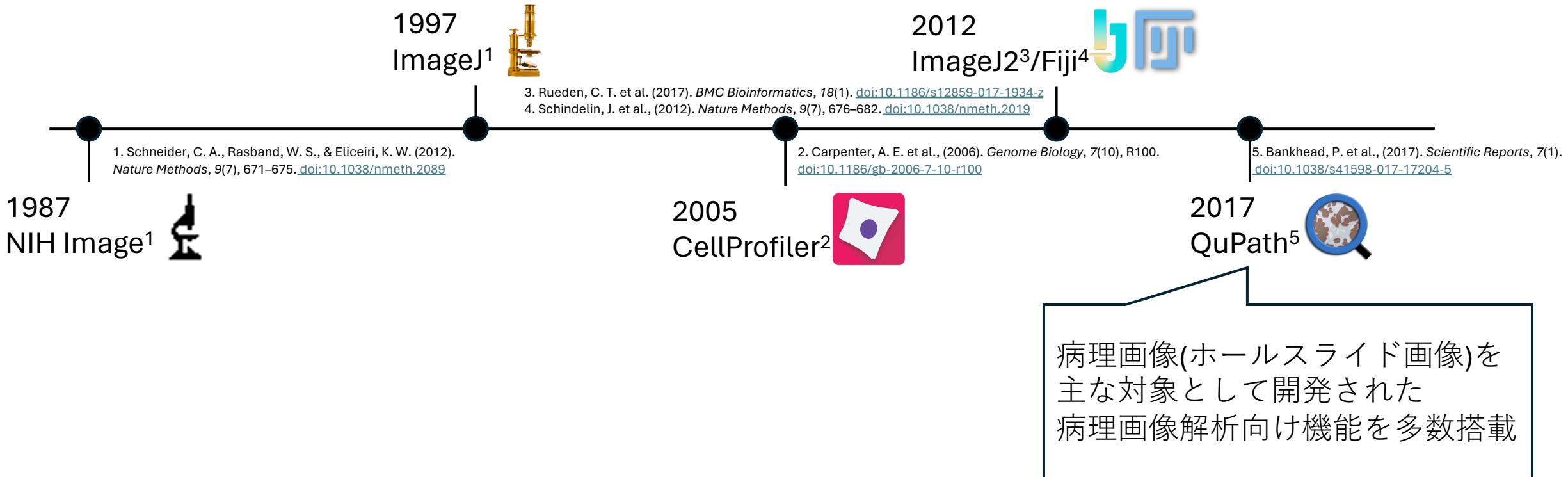
# 生物画像解析オープンソースソフトウェアの歴史



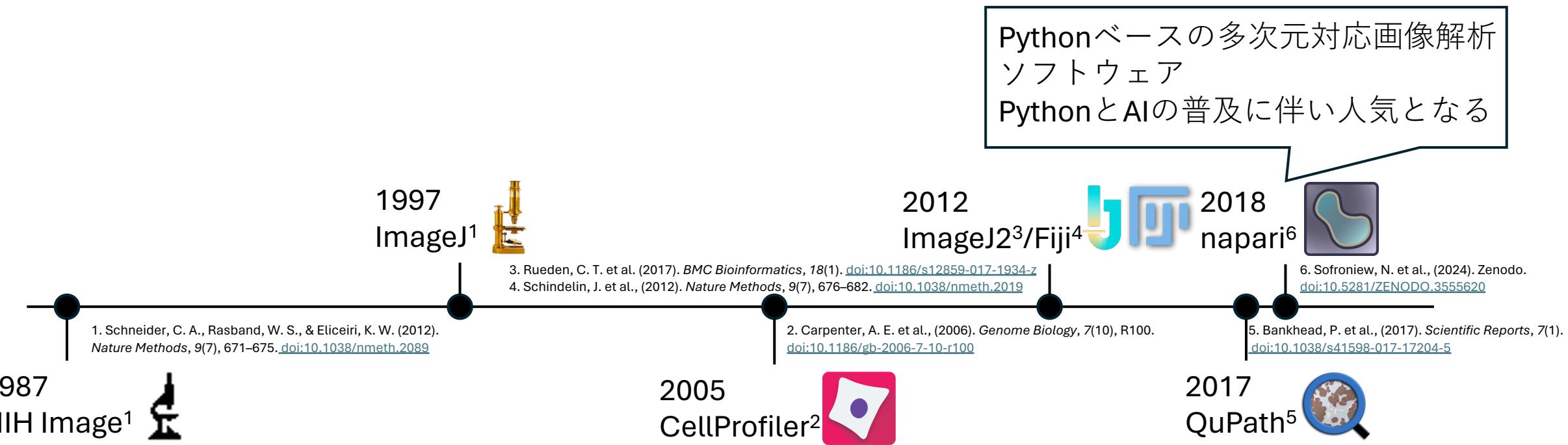
# 生物画像解析オープンソースソフトウェアの歴史



# 生物画像解析オープンソースソフトウェアの歴史



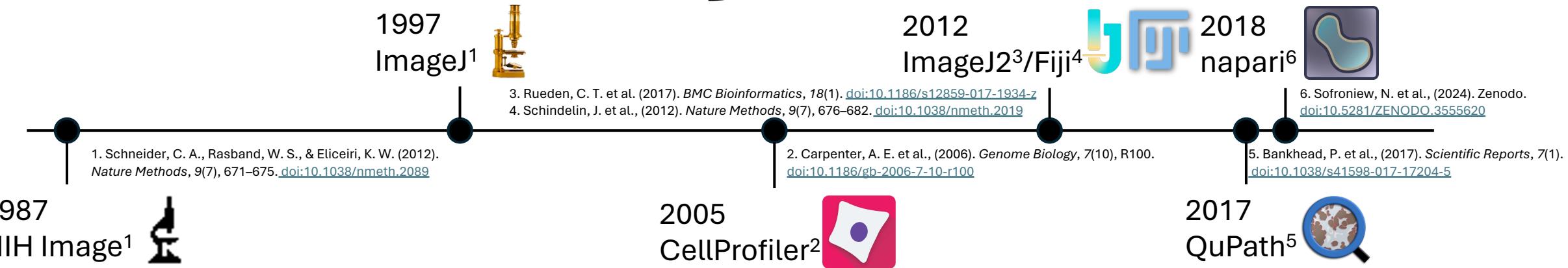
# 生物画像解析オープンソースソフトウェアの歴史



# 生物画像解析オープンソースソフトウェアの歴史

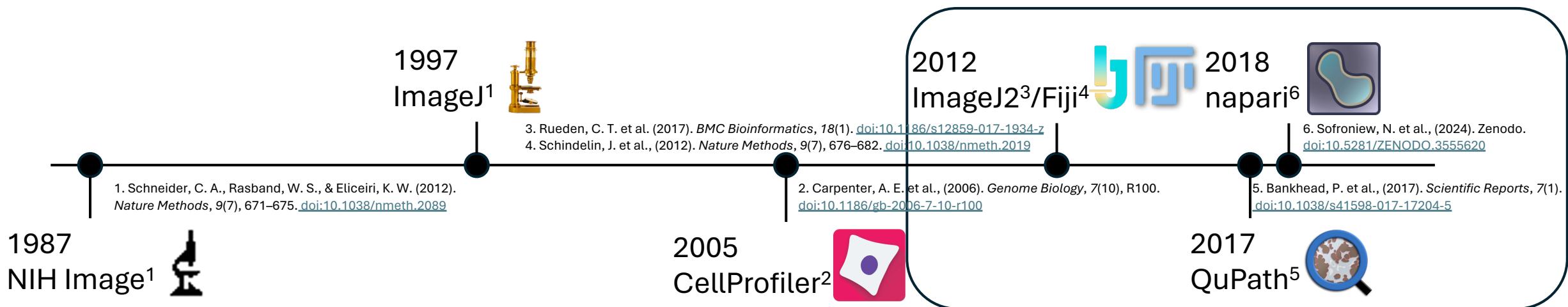
- ・オープンソース
- ・マクロ・プラグインによる拡張
- ・マルチプラットフォーム

} という特徴を持つソフトウェアが人気



# 生物画像解析オープンソースソフトウェアの歴史

本講義では、Fiji, QuPath, napariを用いた実用例を紹介する



# ソフトウェアのインストール



Fiji

<https://imagej.net/software/fiji/downloads>



napari

[https://napari.org/stable/tutorials/fundamentals/quick\\_start.html#installation](https://napari.org/stable/tutorials/fundamentals/quick_start.html#installation)



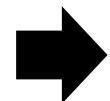
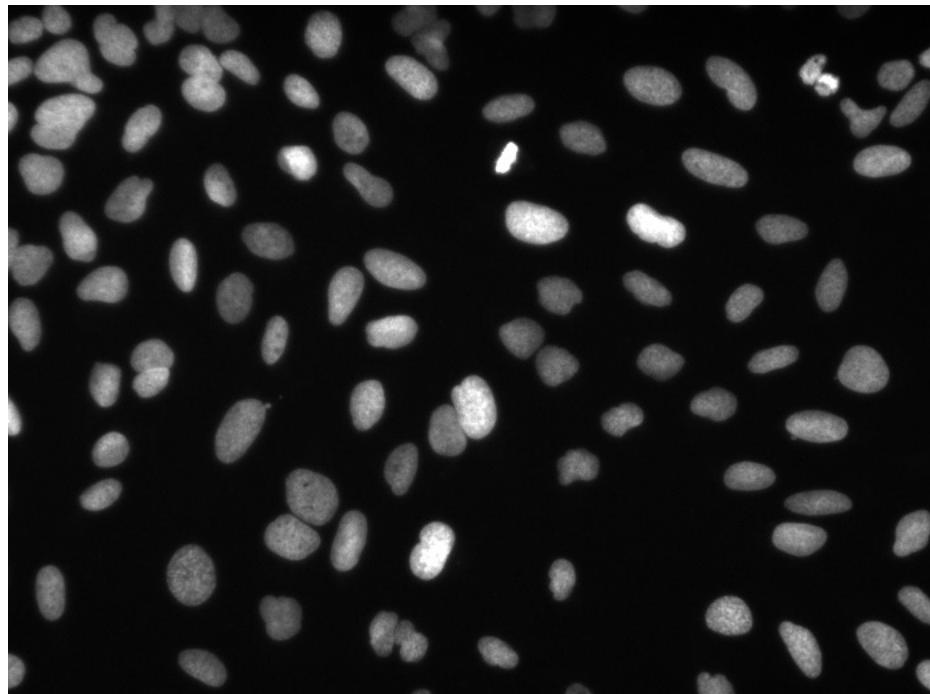
QuPath

<https://qupath.readthedocs.io/en/stable/docs/intro/installation.html>

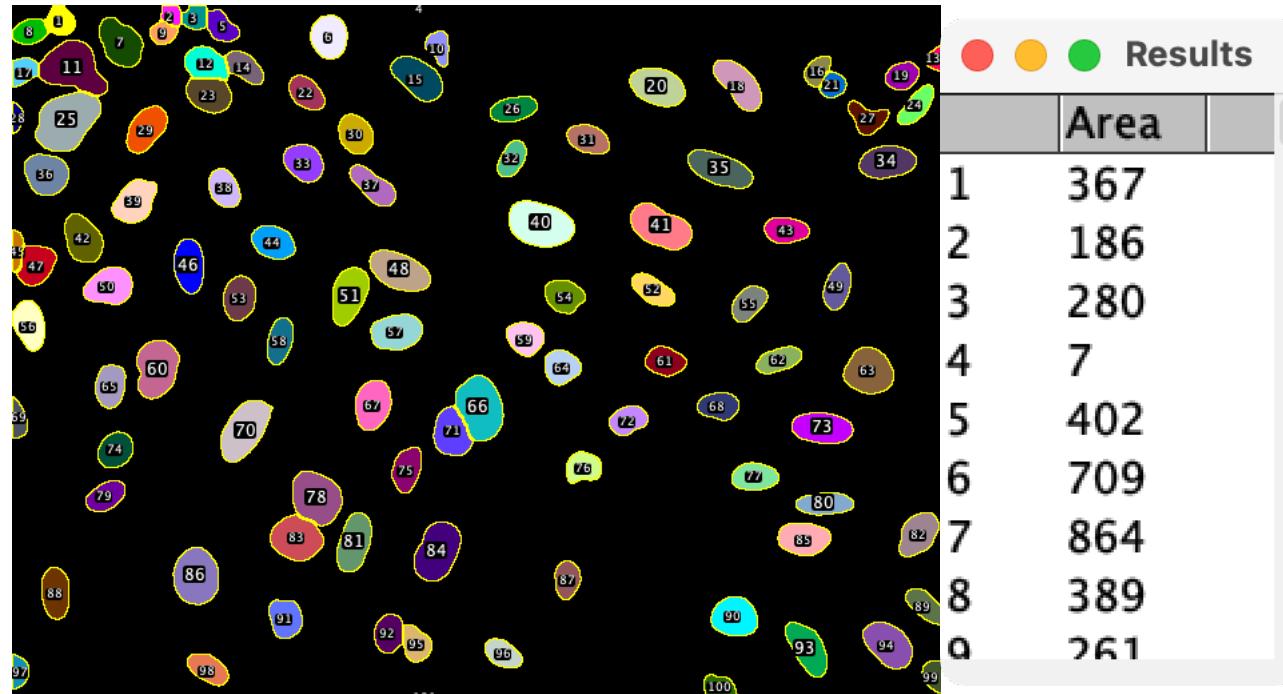
**最新の公式ドキュメントの手順に従いソフトウェアのインストールを行う  
(本講義ではインストール方法の詳細は紹介しない)**

# 課題1: 蛍光染色した核の面積定量

元画像



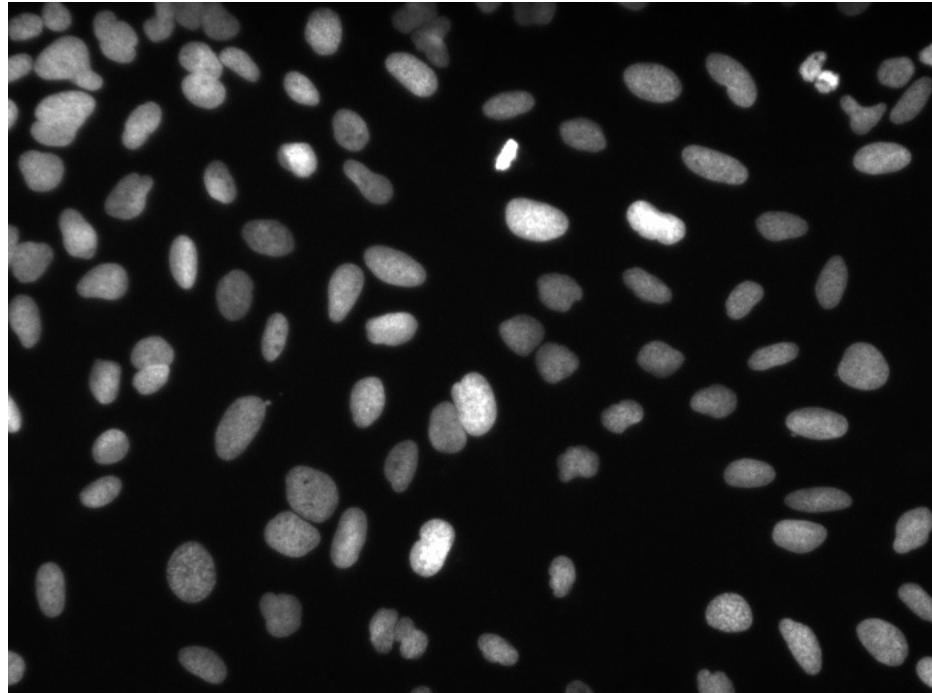
解析結果



個々の核をセグメンテーションし、面積の定量を行う

画像データ: [BBC039v1](#) Caicedo et al. 2018, the Broad Bioimage Benchmark Collection [[Ljosa et al., Nature Methods, 2012](#)]

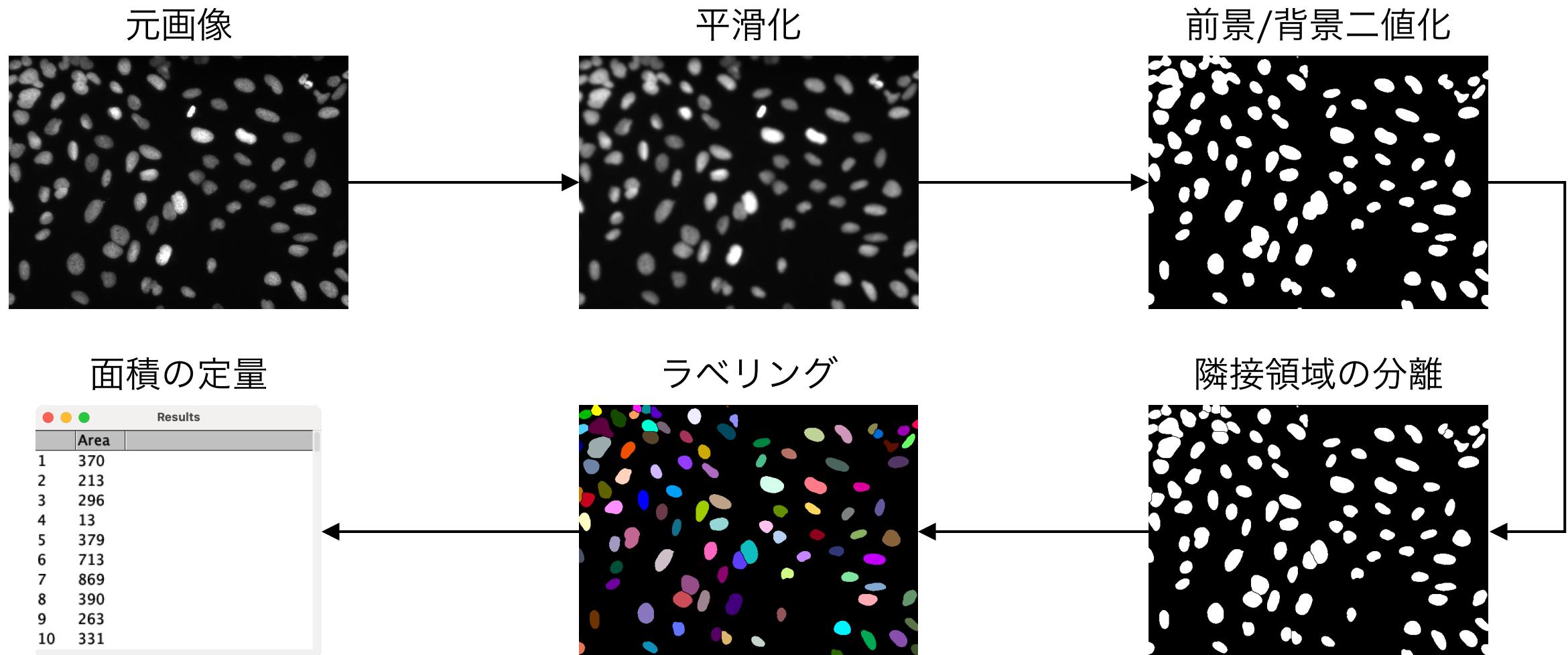
# 課題1：解析方針の検討



- 画像サイズは?
  - 696 × 520 (XY)と小さい
  - Fiji<sup>1</sup>で対応可能
- 核の領域は蛍光シグナルが大きい
  - 検出対象（核）と背景を区別することが必要
  - 二値化とラベリングの組み合わせが使えそう
- ノイズ除去が必要か?
  - 必要であればフィルタリングを二値化前に追加
- 隣接している核がある
  - 隣接領域を分離ための処理を追加

画像データ: [BBC039v1](#) Caicedo et al. 2018, the Broad Bioimage Benchmark Collection [[Ljosa et al., Nature Methods, 2012](#)]

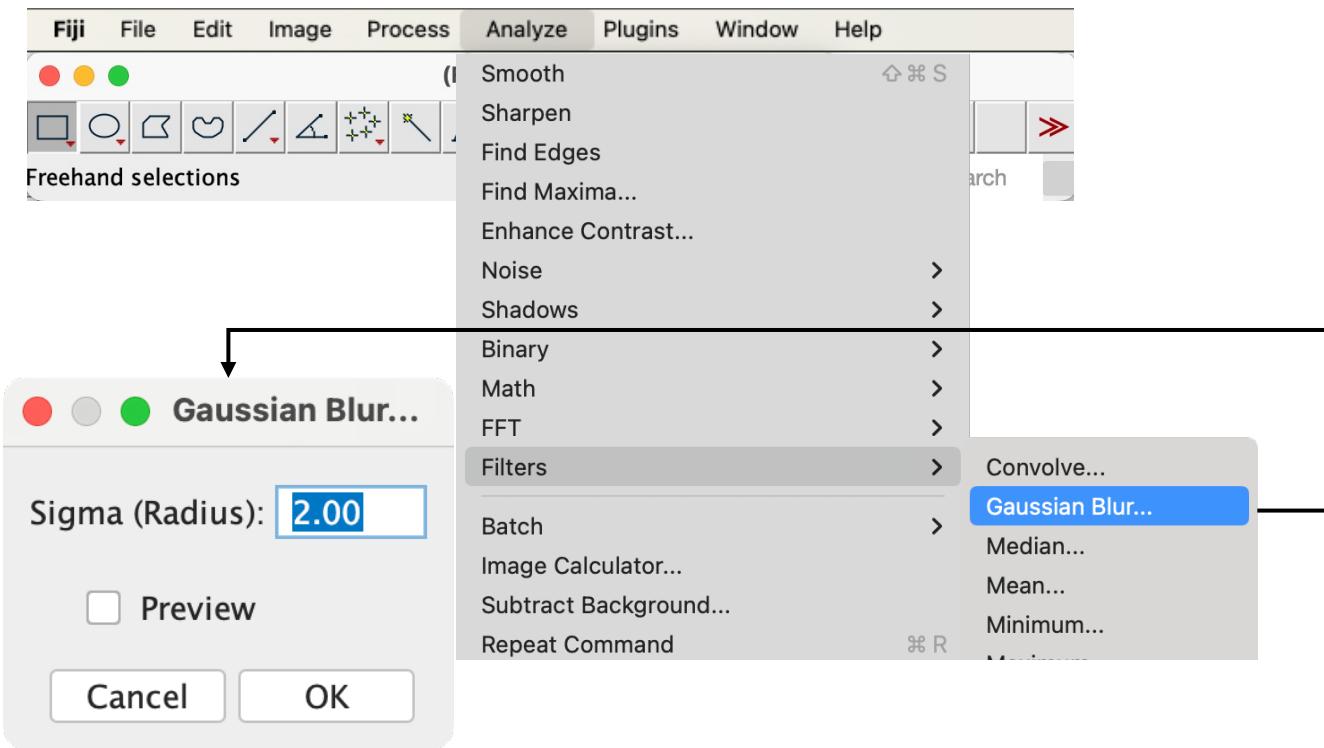
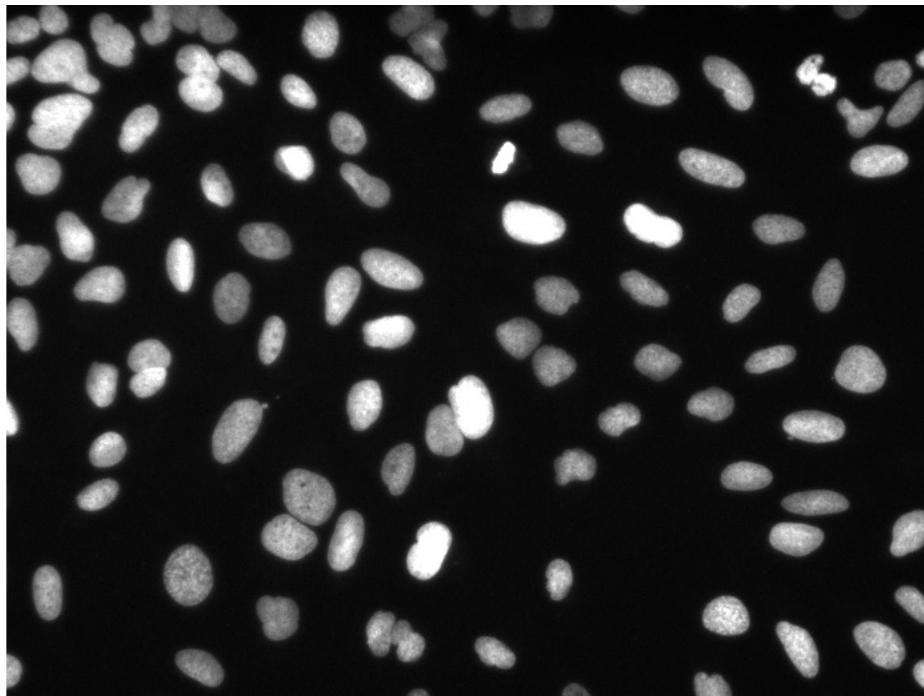
# 課題1：解析方針の決定



画像データ: [BBC039v1](#) Caicedo et al. 2018, the Broad Bioimage Benchmark Collection [[Ljosa et al., Nature Methods, 2012](#)]

# ガウシアン平滑化

## ガウシアン平滑化 | 元画像



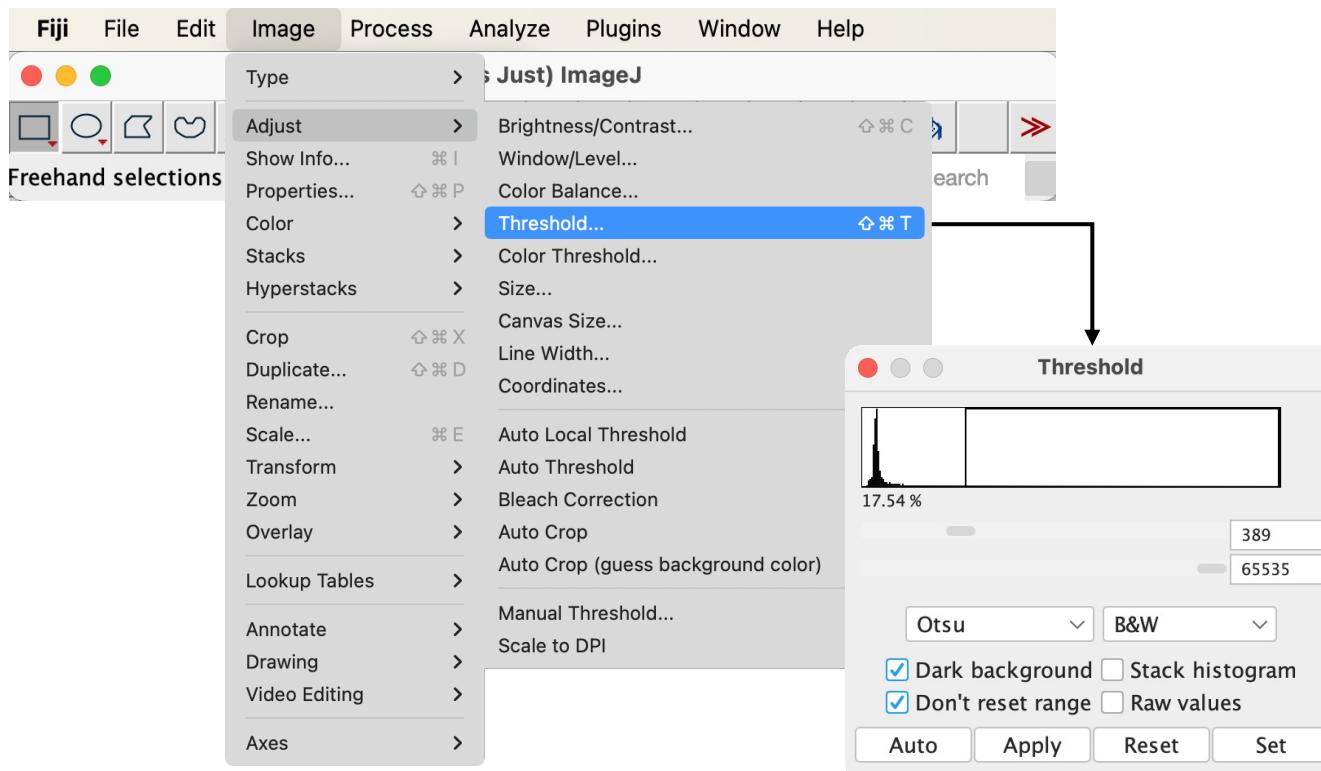
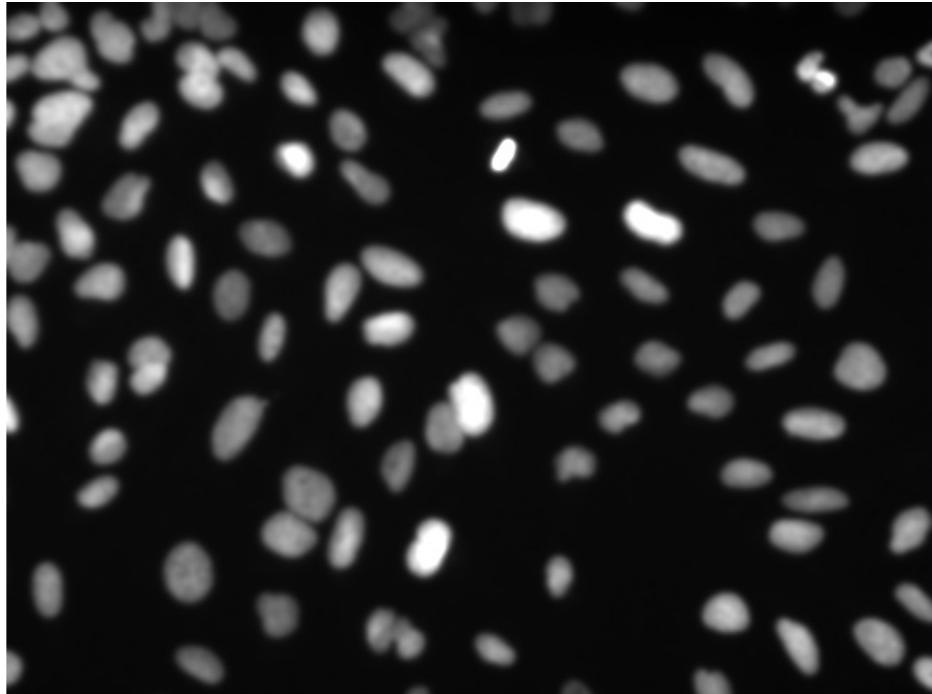
ガウシアン平滑化の他、平均化（Mean）やメディアン（Median）が良く使われる

画像データ: [BBC039v1](#) Caicedo et al. 2018, the Broad Bioimage Benchmark Collection [[Ljosa et al., Nature Methods, 2012](#)]

# 前景/背景二値化 (Otsu<sup>1</sup>法)

1. Otsu, N. (1978). *IEEE Transactions on Systems, Man, and Cybernetics*, 9(1), 62–66. doi:[10.1109/TSMC.1979.4310076](https://doi.org/10.1109/TSMC.1979.4310076)

## 二値化 | ガウシアン平滑化



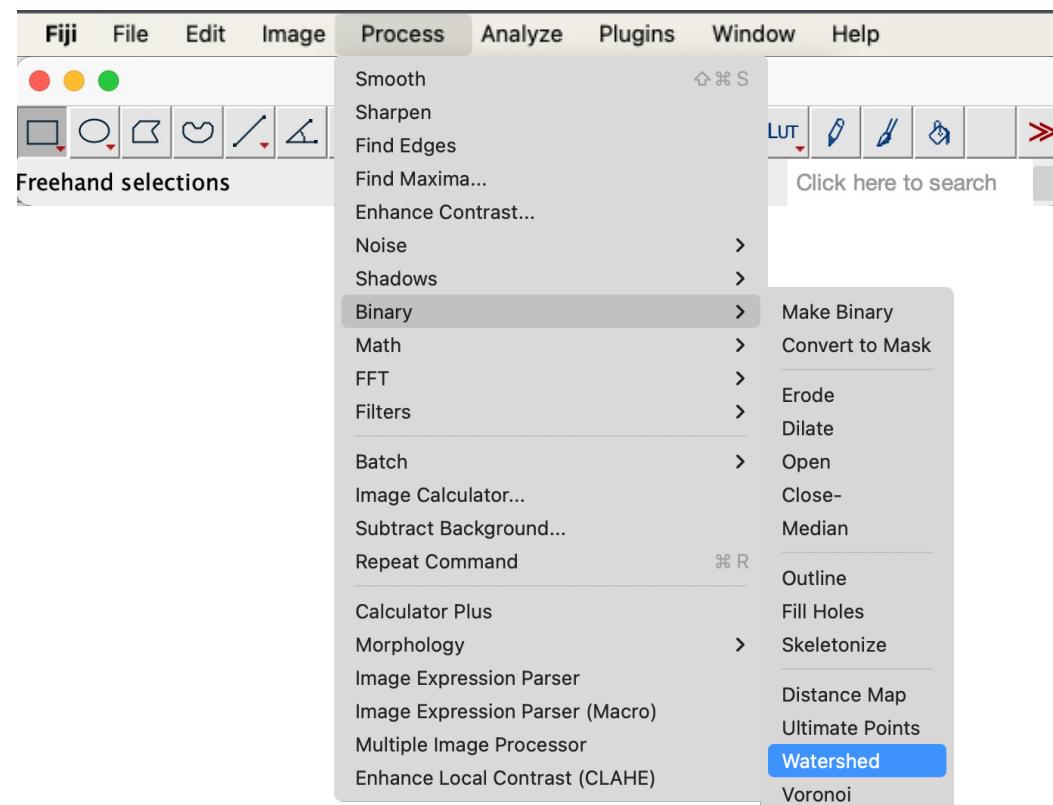
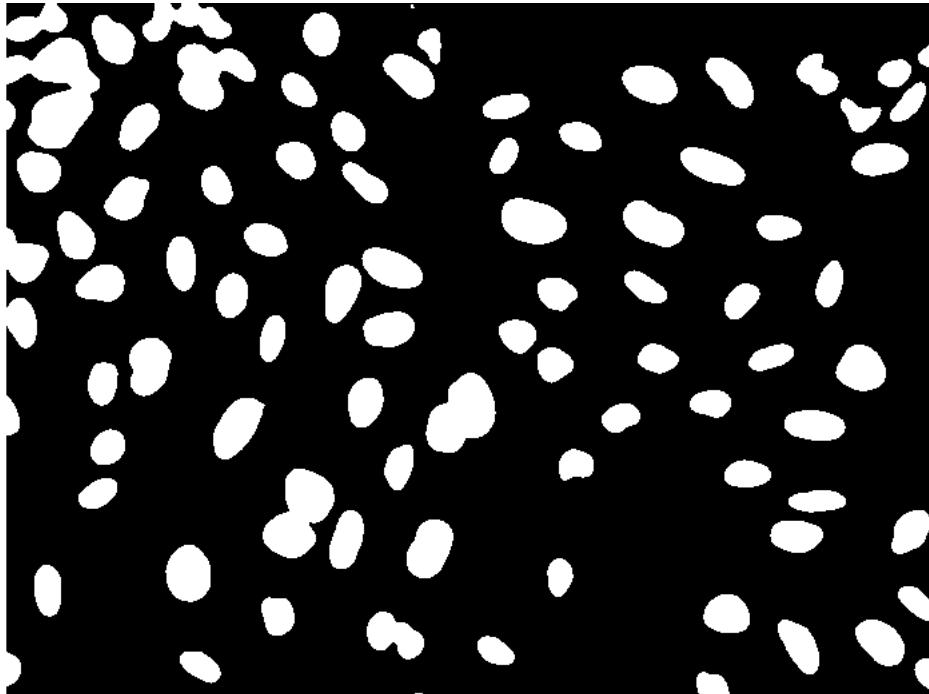
Otsu法の他、様々な自動二値化手法がある (Image > Adjust > Auto Threshold参照)

画像データ: [BBC039v1](#) Caicedo et al. 2018, the Broad Bioimage Benchmark Collection [[Ljosa et al., Nature Methods, 2012](#)]

# 隣接領域の分離 (Watershed<sup>1</sup>法)

1. Vincent, L., & Soille, P. (1991). *IEEE Transactions on Pattern Analysis and Machine Intelligence*, 13(6), 583–598. [doi:10.1109/34.87344](https://doi.org/10.1109/34.87344)

## Watershed | 二値化

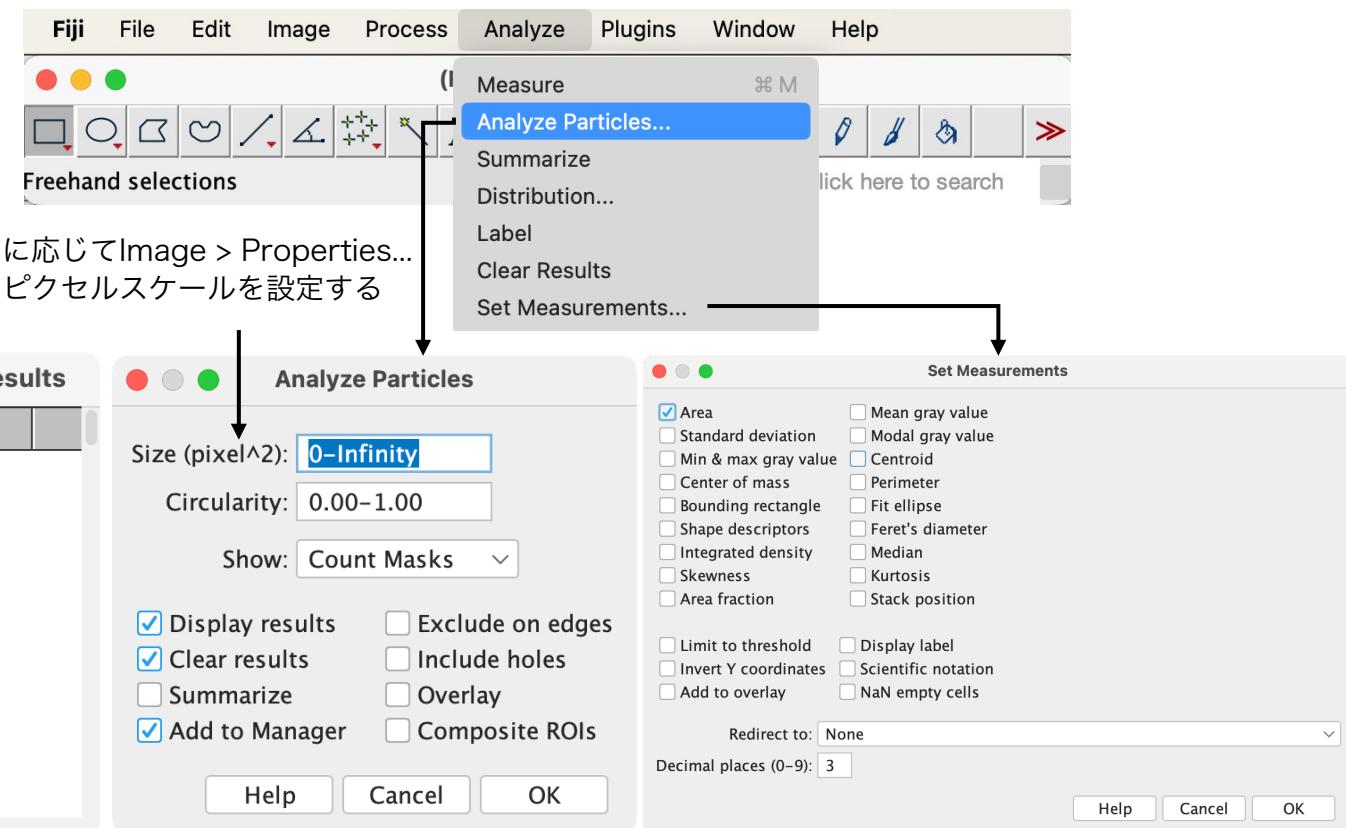
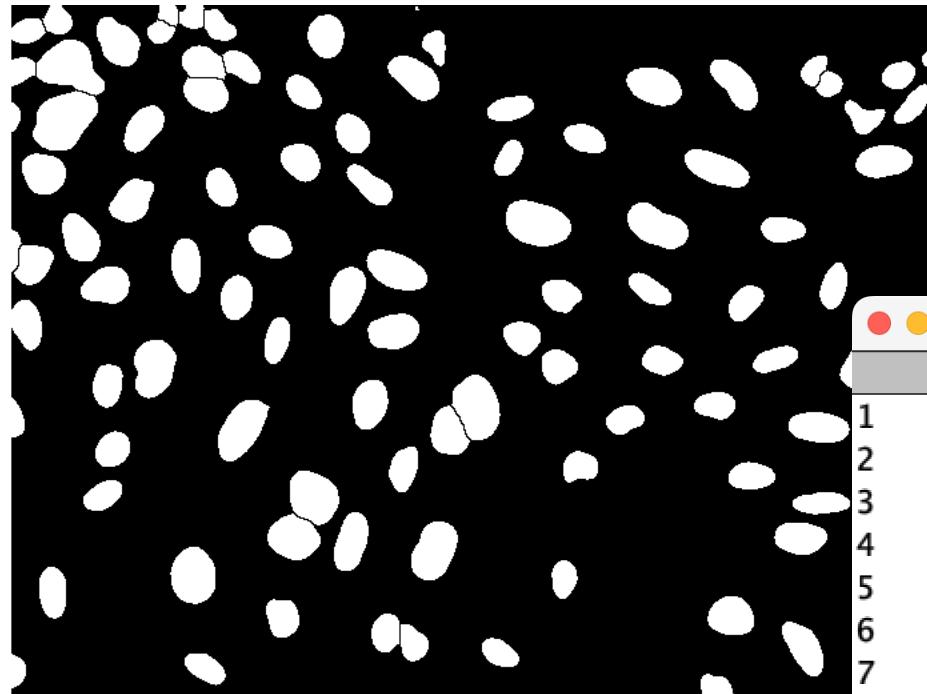


二値化画像に距離変換\*を適用しWatershed法による分離を実施  
\* 各前景ピクセルについて最近傍背景ピクセルまでの距離を算出

画像データ: [BBC039v1](#) Caicedo et al. 2018, the Broad Bioimage Benchmark Collection [[Ljosa et al., Nature Methods, 2012](#)]

# ラベリングと面積の定量

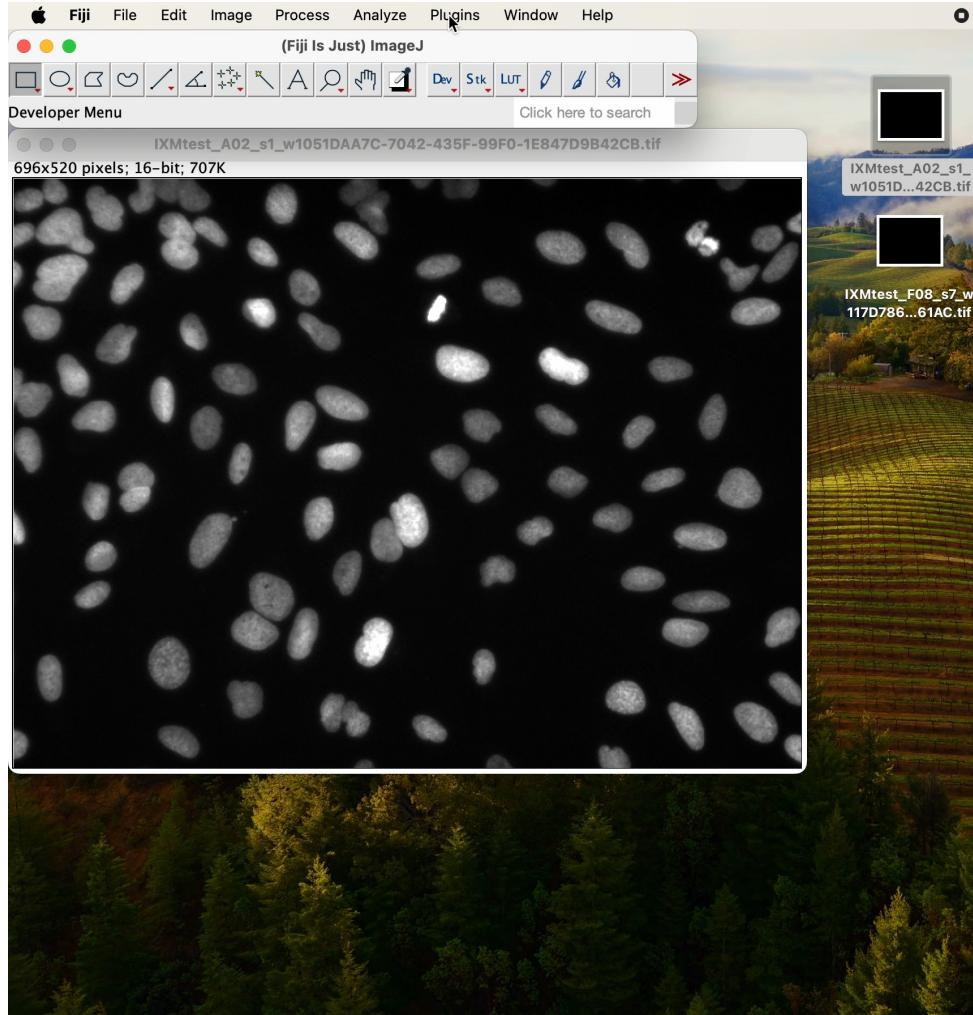
## ラベル | Watershed



面積の他、輝度や形態の定量値を解析することが可能

画像データ: [BBC039v1](#) Caicedo et al. 2018, the Broad Bioimage Benchmark Collection [[Ljosa et al., Nature Methods, 2012](#)]

# Macro recorderによる自動化



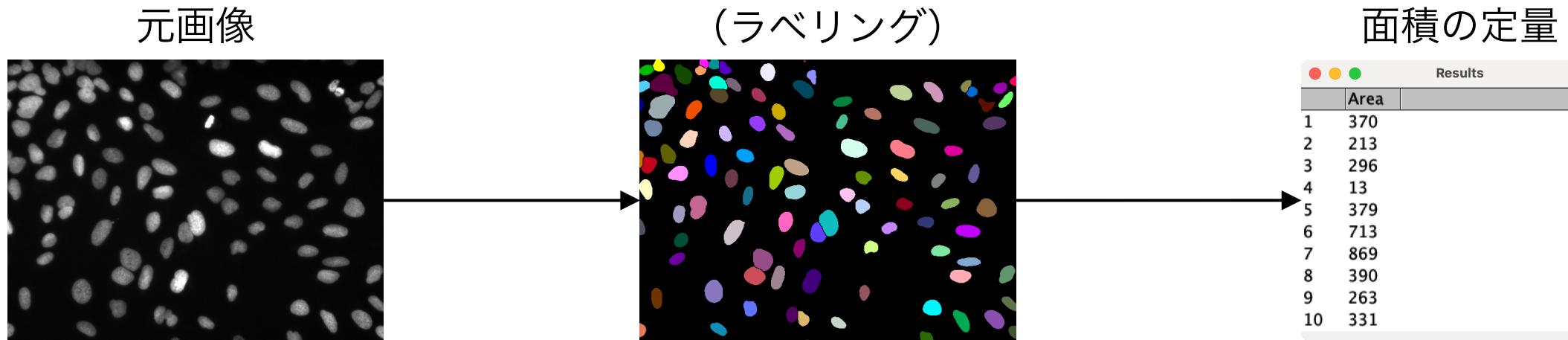
1. Plugins > Macros > Record... を実行
2. 一連の解析を実施
3. recorder画面にてCreateボタンを押し、Script editorを起動
4. 不要な行を削除
5. 新しい画像を開く
6. Script editorからRunボタンを押し解析実行

自動化により同じ条件で大量の画像を解析可能となる

画像データ: [BBC039v1](#) Caicedo et al. 2018, the Broad Bioimage Benchmark Collection [[Ljosa et al., Nature Methods, 2012](#)]

# 課題1への異なるアプローチ ~AIアルゴリズムの利用~

## インスタンスセグメンテーション

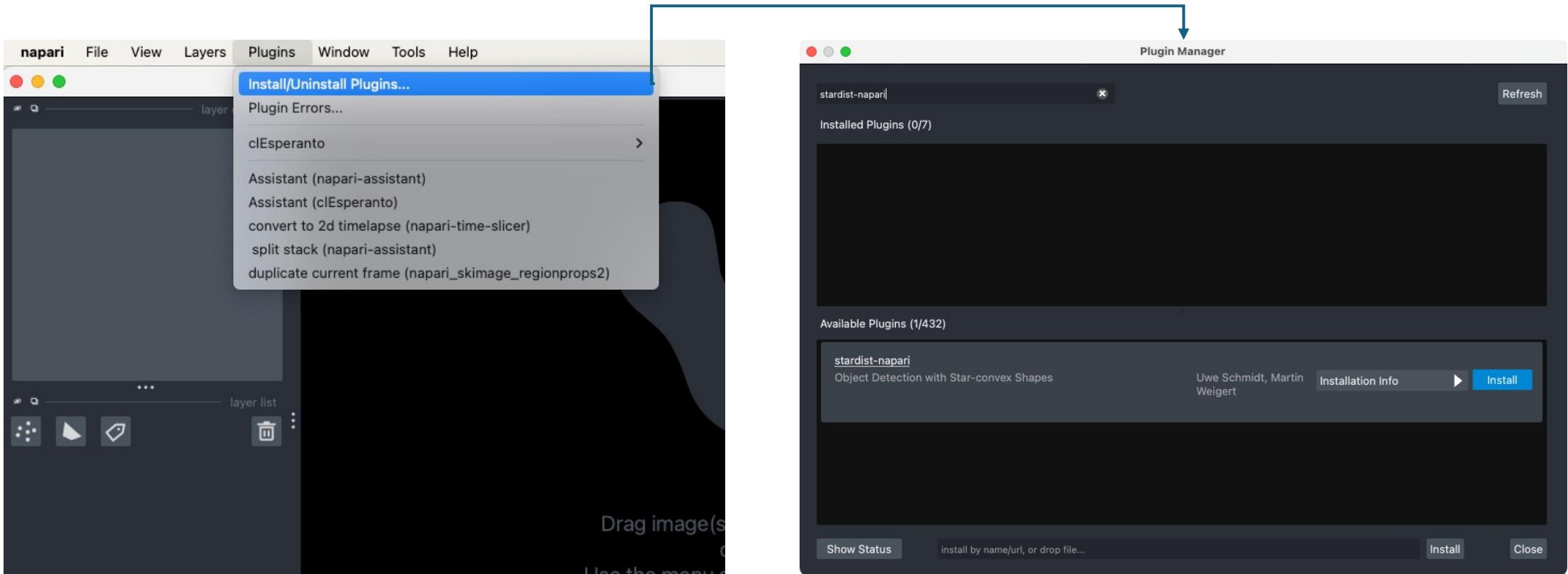


StarDist<sup>1</sup>やCellpose<sup>2</sup>が生物画像解析で多く実績を残している人気のAIアルゴリズム

1. Schmidt, U., Weigert, M., Broaddus, C. and Gene Myers. (2018) [Cell Detection with Star-convex Polygons](#). MICCAI
2. Stringer, C., Wang, T., Michaelos, M., & Pachitariu, M. (2021). [Cellpose: a generalist algorithm for cellular segmentation](#). Nature methods, 18(1), 100-106.

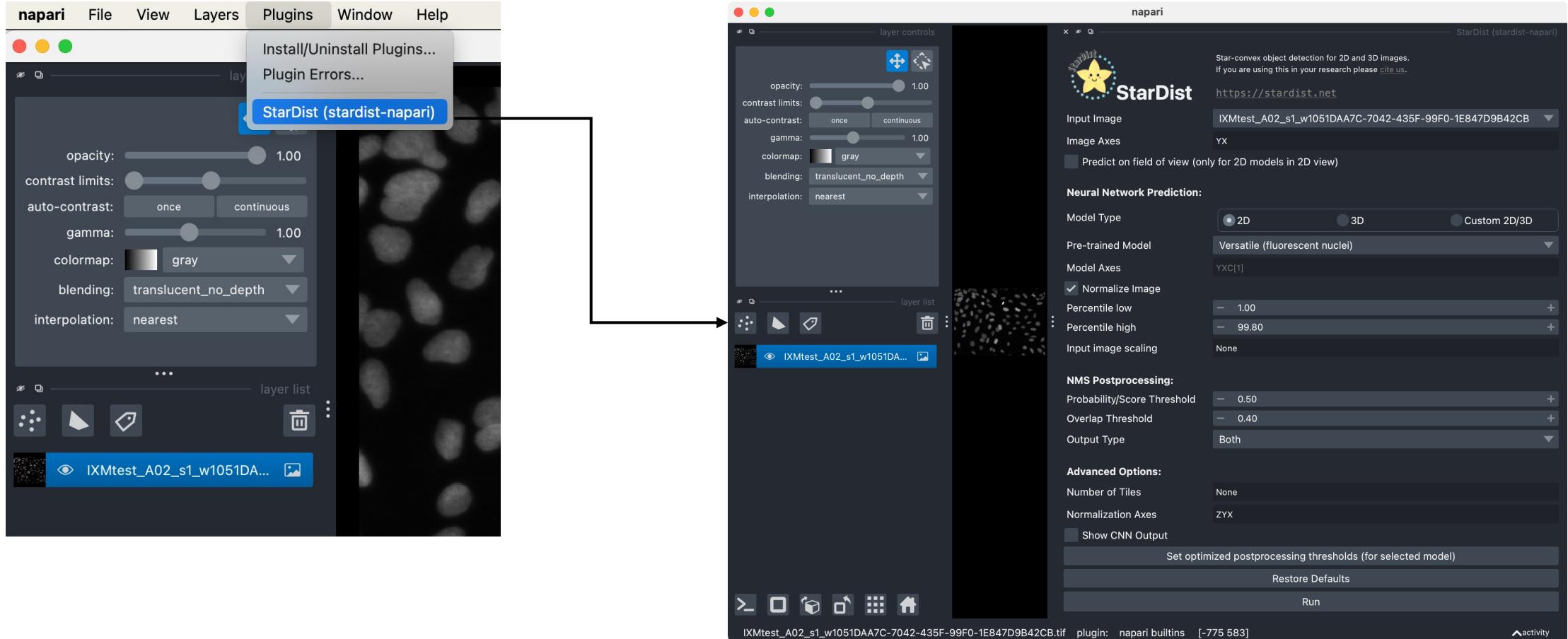
画像データ: [BBC039v1](#) Caicedo et al. 2018, the Broad Bioimage Benchmark Collection [[Ljosa et al., Nature Methods, 2012](#)]

# stardist-napariのインストール



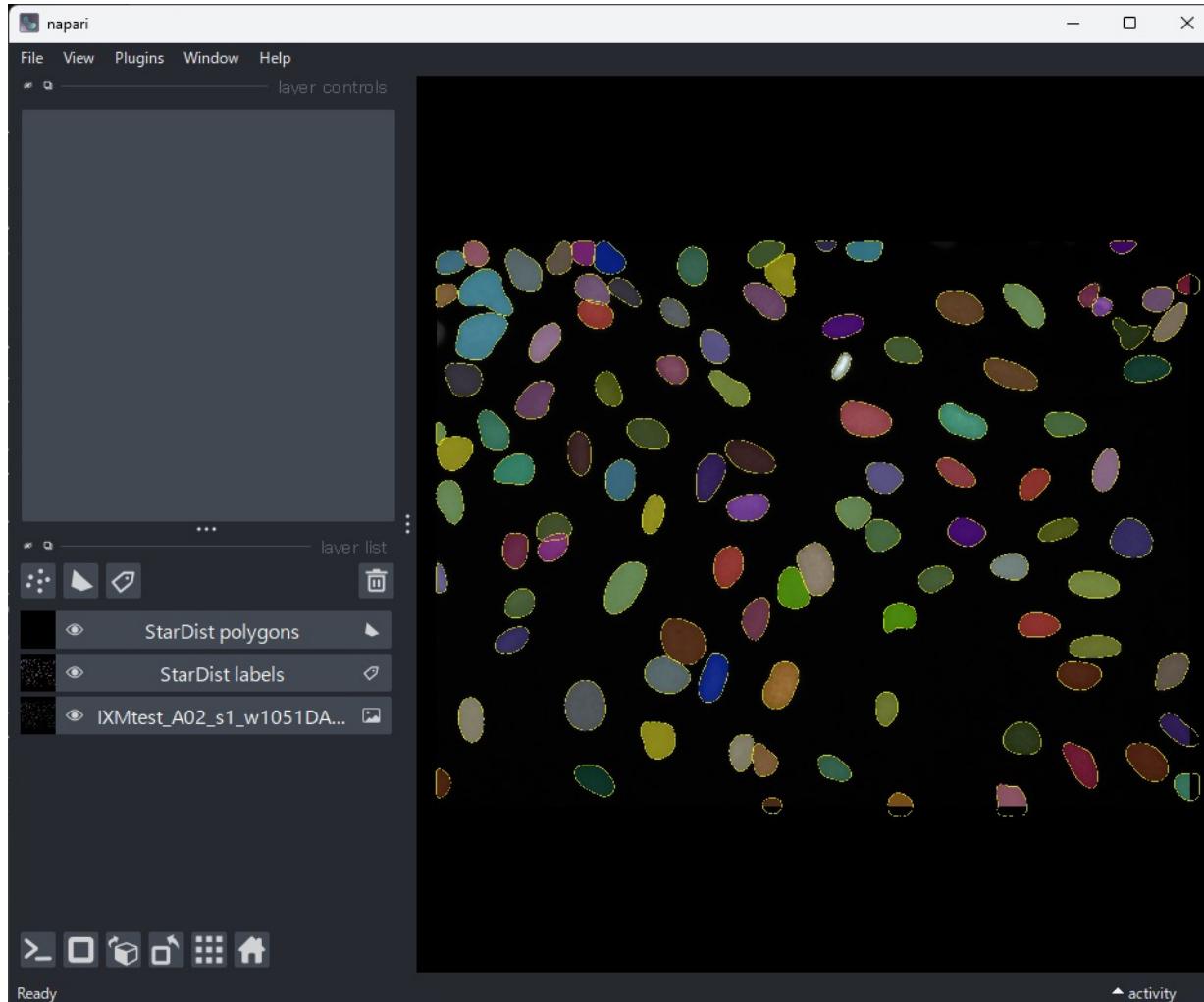
1. Plugins > Install/Uninstall Plugins...を実行
2. stardist-napariを検索しInstall
3. napariを再起動

# stardist-napariの実行



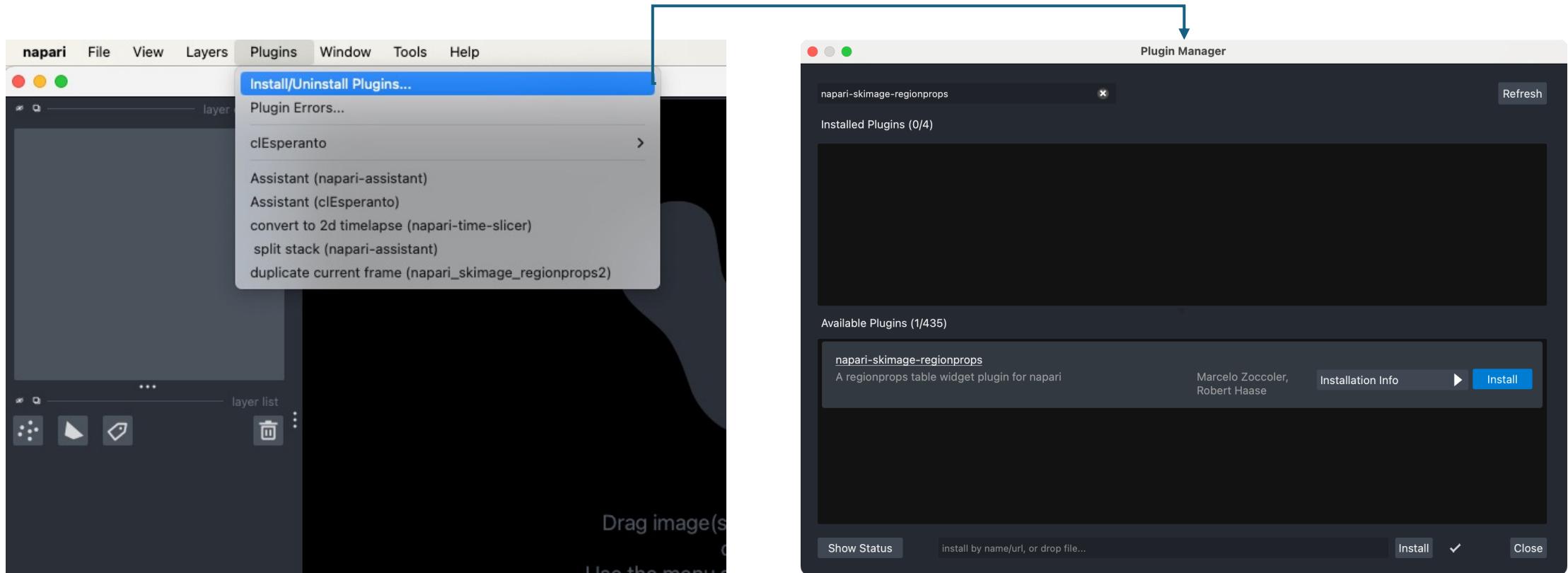
1. Plugins > StarDist (stardist-napari)を起動
2. 必要に応じてパラメータを変更し（今回はデフォルト）Runボタンを押して実行

# stardist-napariの実行結果



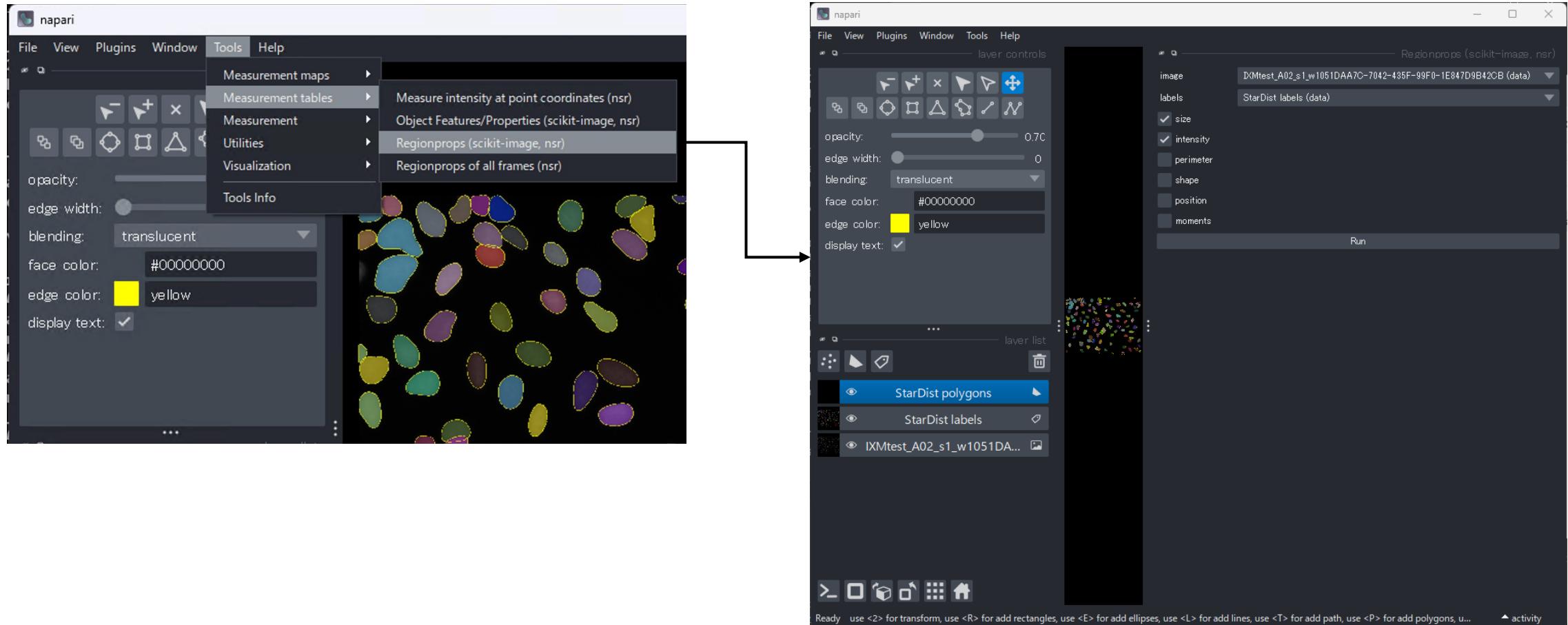
画像データ: [BBBC039v1](#) Caicedo et al. 2018, the Broad Bioimage Benchmark Collection [[Ljosa et al., Nature Methods, 2012](#)]

# napari-skimage-regionpropsのインストール



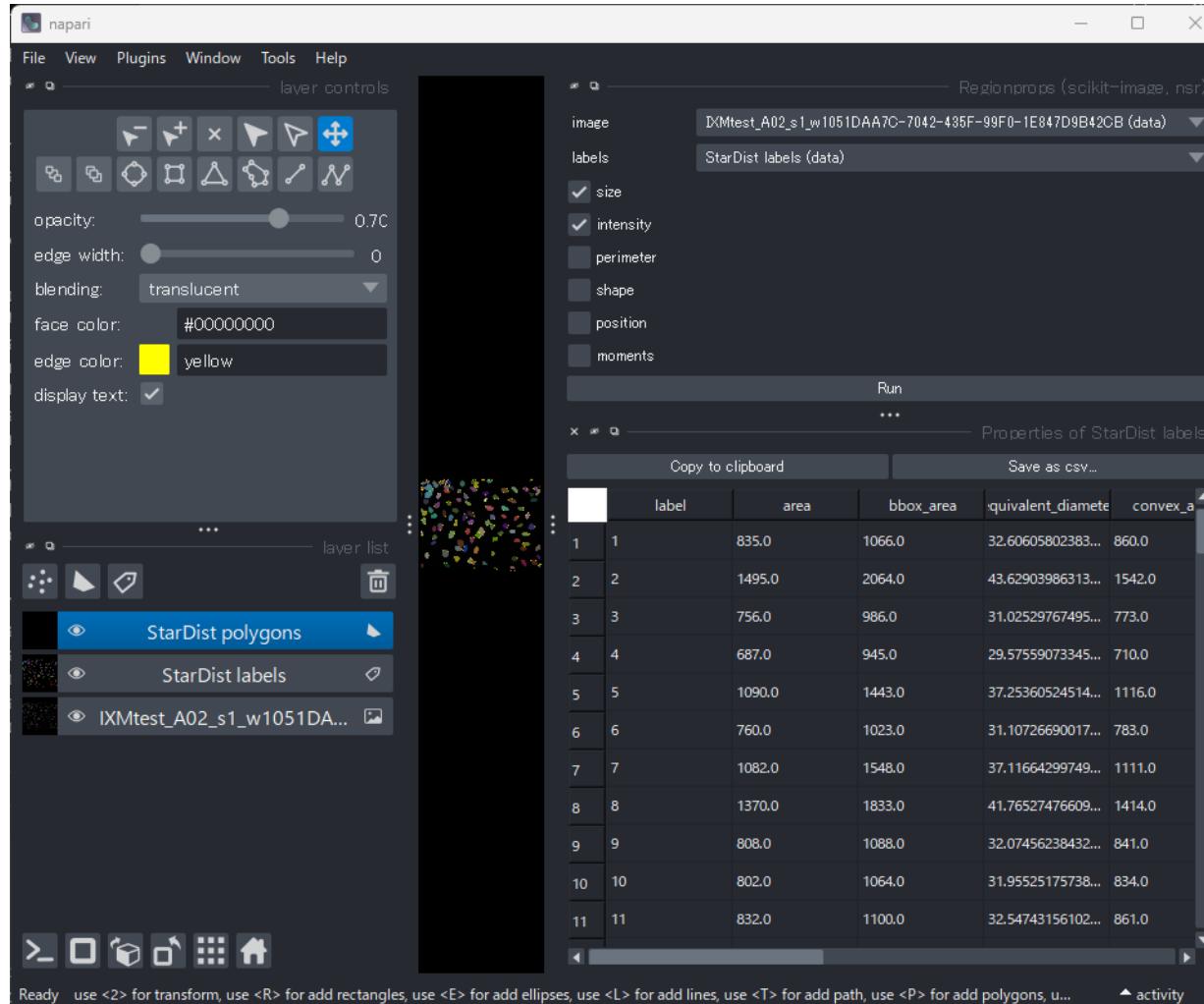
1. Plugins > Install/Uninstall Plugins...を実行
2. napari-skimage-regionpropsを検索しInstall
3. napariを再起動

# napari-skimage-regionpropsの実行



1. Tools > Measurement tables > Regionprops (scikit-image, nsr) を起動
2. 算出したいパラメータを指定し、Runボタンを押して実行

# napari: napari-skimage-regionpropsの実行結果

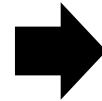
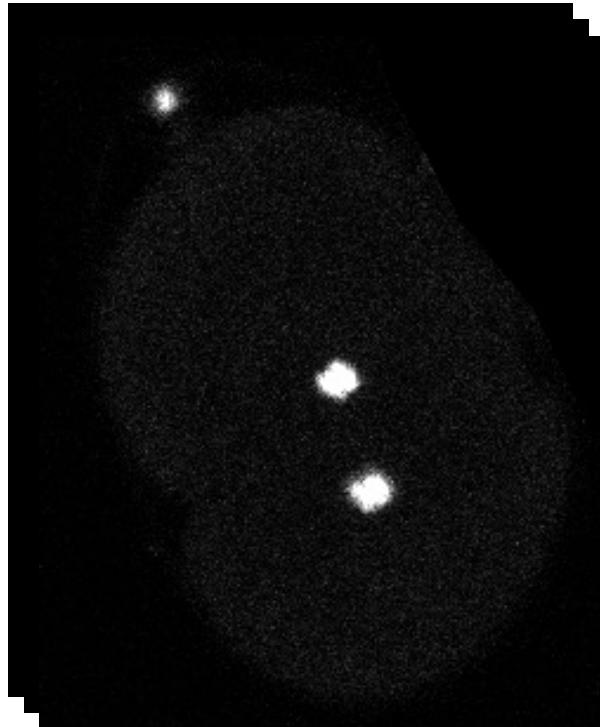


インスタンスセグメンテーション結果  
に対応した解析結果のテーブルが出力  
される

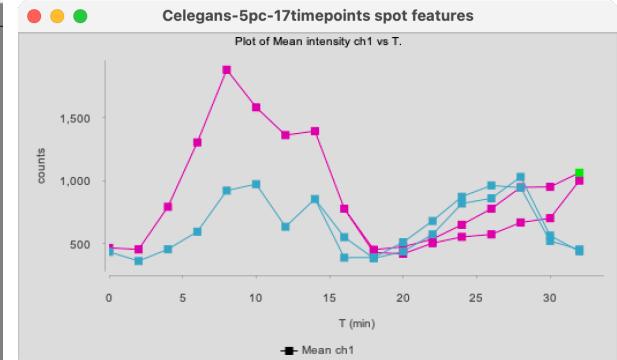
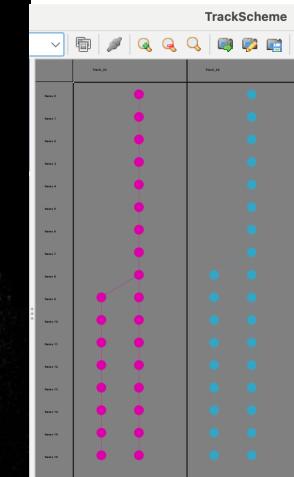
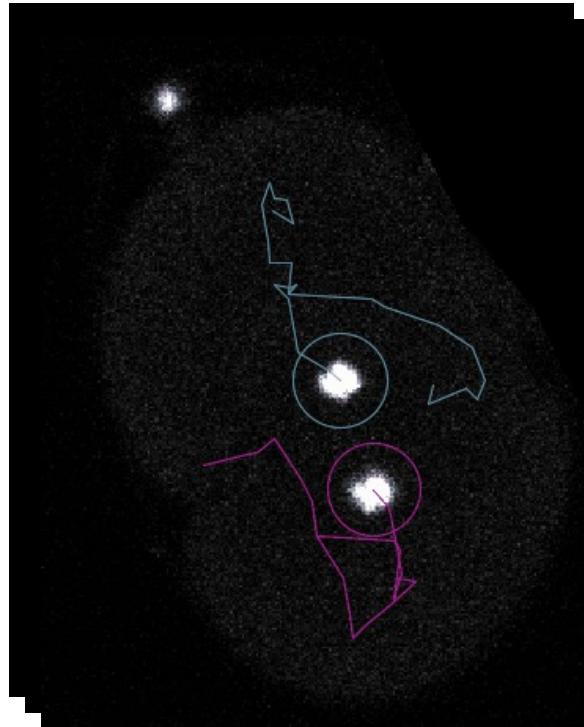
画像データ: [BBBC039v1](#) Caicedo et al. 2018, the Broad Bioimage Benchmark Collection [[Ljosa et al., Nature Methods, 2012](#)]

# 課題2: 蛍光タイムラプス三次元画像を用いた細胞トラッキング解析

元画像(3D+t)



解析結果

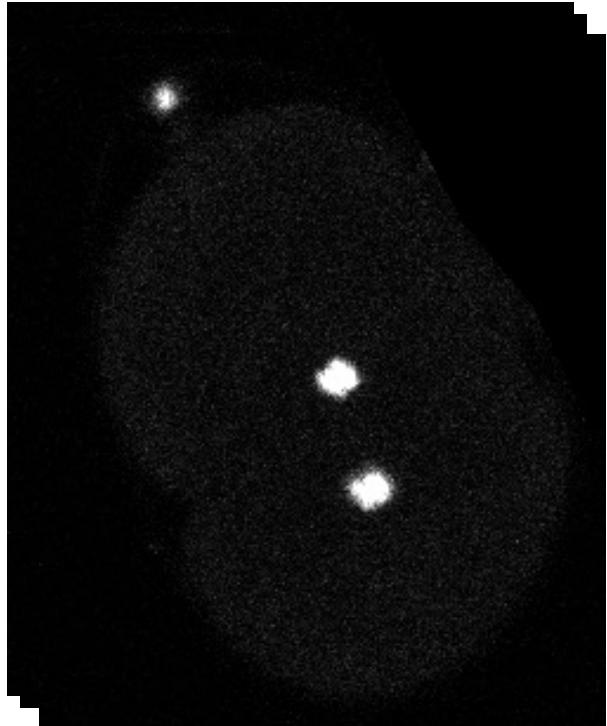


蛍光タイムラプス三次元画像において核のトラッキングにより、細胞系統樹を作成し解析する

画像データ: *C.elegans* AZ212 H2B-eGFP 胚発生データ [Celegans-5pc-17timepoints.tif \(94 MB\)](#).

TrackMate tutorial (<https://imagej.net/plugins/trackmate/tutorials/manual-track-editing>)

## 課題2: 解析方針の検討

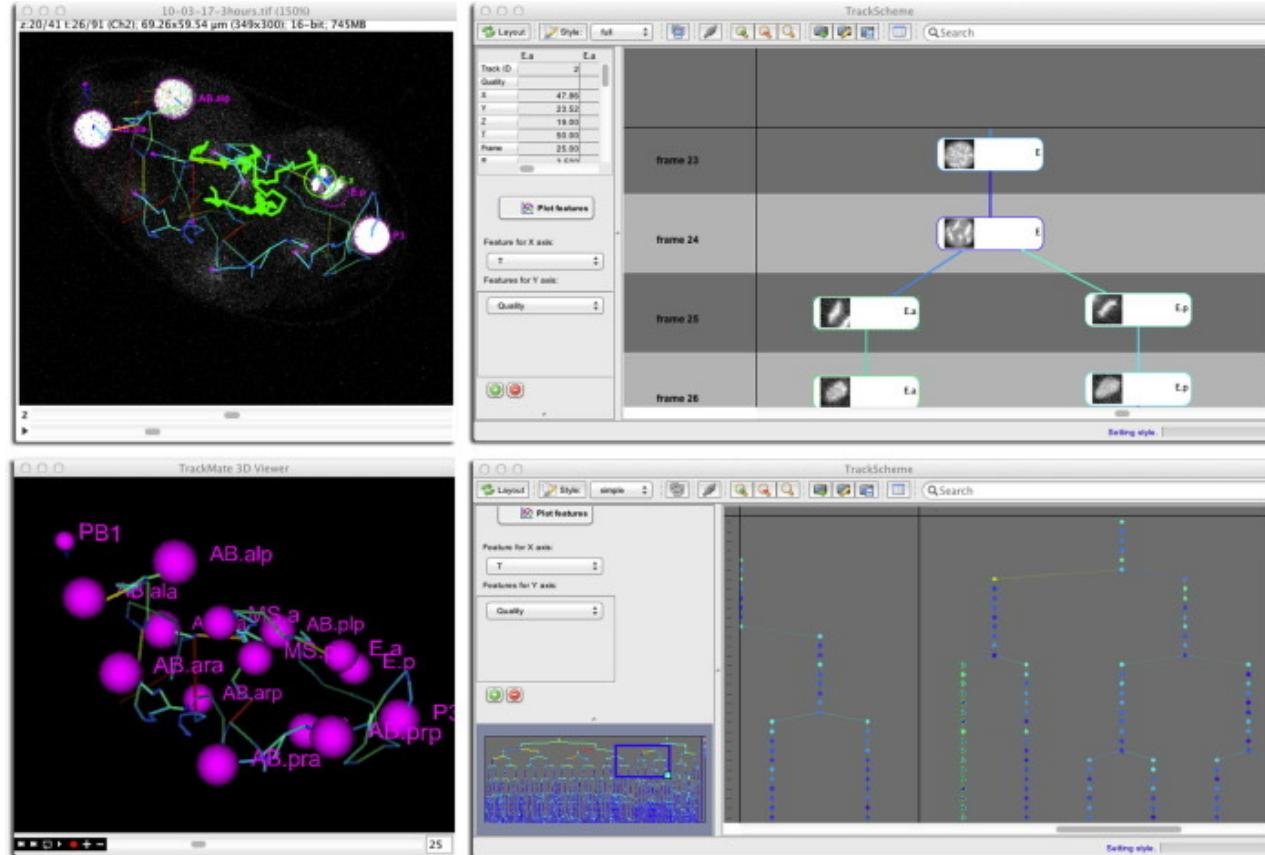


- データサイズは?
  - $291 \times 354 \times 41 \times 17$  (XYZT)と比較的小さい
  - FijiのTrackMateで対応可能
- TrackMateの検出器は? (わかりやすくできると良い)
  - シンプルな蛍光像なので、DoG or LoG検出器でOK
- 隣接している核がある
  - 隣接領域を分離ための処理を追加

画像データ: *C.elegans* AZ212 H2B-eGFP 胚発生データ [Celegans-5pc-17timepoints.tif \(94 MB\)](#).  
Tinevez, J.-Y., TrackMate tutorial (<https://imagej.net/plugins/trackmate/tutorials/manual-track-editing>)

# 課題2: 解析方針の決定

TrackMate<sup>1</sup>を利用し、細胞トラッキング・細胞系統樹解析を行う



以下の論文Fig. 2より画像引用

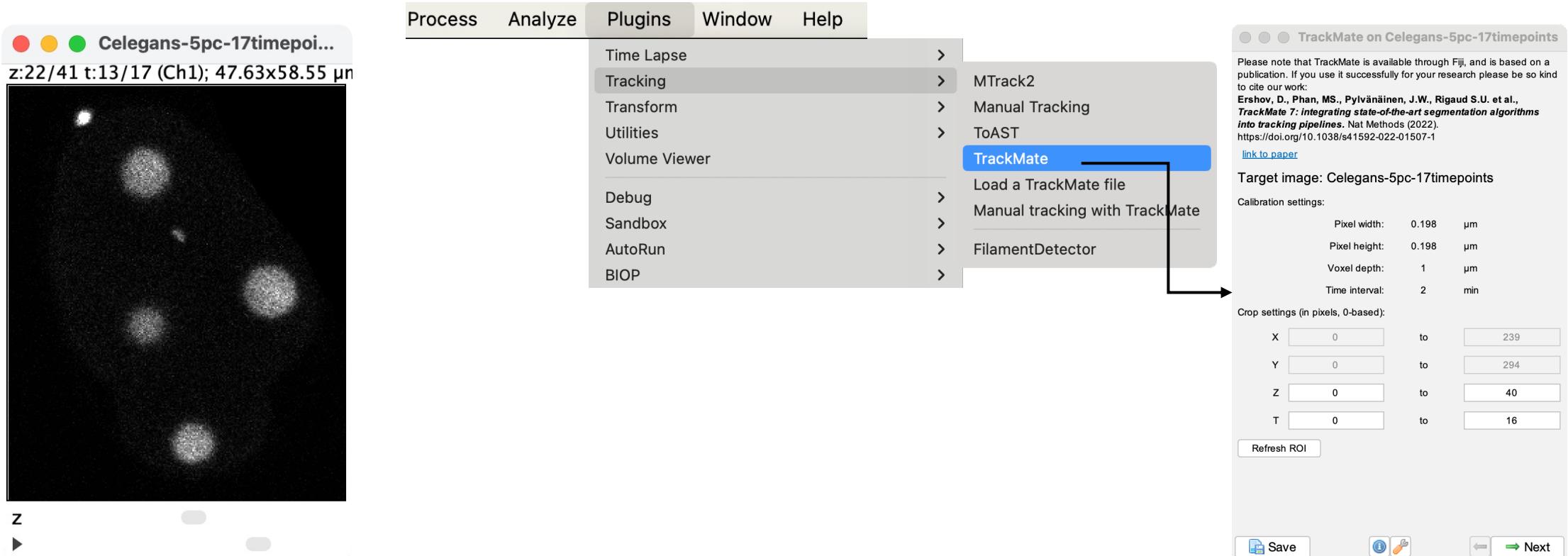
Tinevez, J.-Y. et al. (2017) *Methods*, 115, 80–90. [doi:10.1016/j.ymeth.2016.09.016](https://doi.org/10.1016/j.ymeth.2016.09.016)

多機能な細胞追跡用Fijiプラグイン  
以下の機能を組み合わせて利用

- スポット検出(Detection)
- 追跡(Linking)
- 細胞系統樹(Track scheme)
- 特徴量のプロット
- 各種出力機能（動画形式など）

多機能かつユーザーフレンドリーな  
ソフトウェアであり人気

# TrackMateの起動

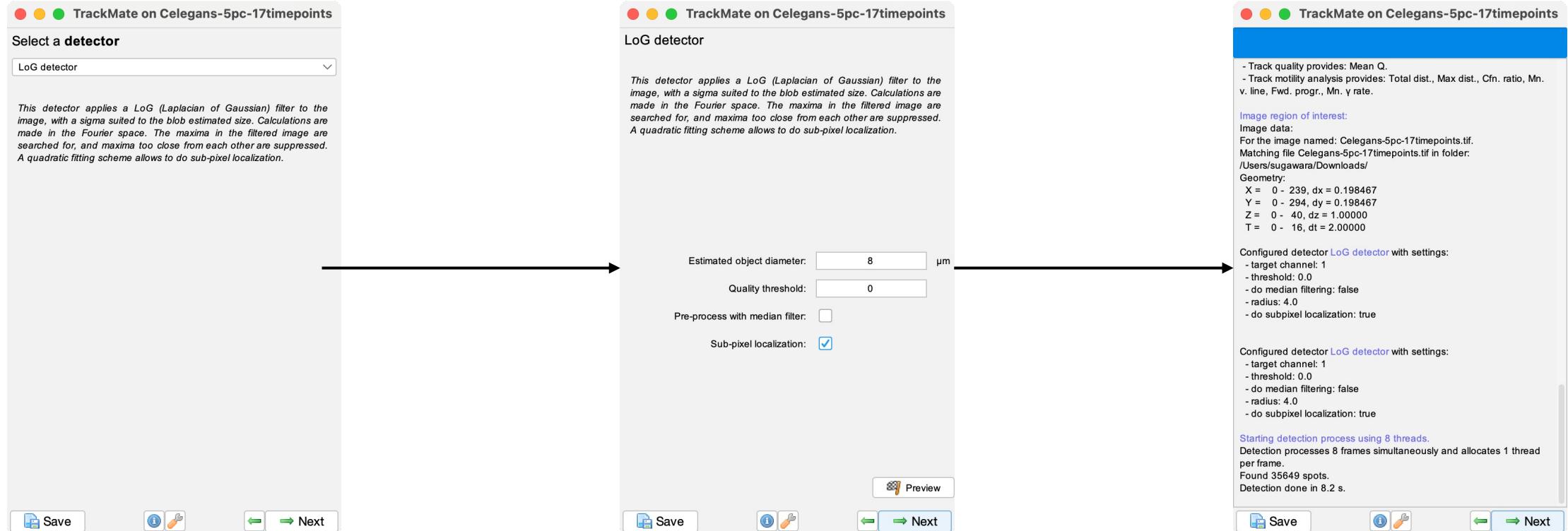


解析対象の画像を開き、Plugins > Tracking > TrackMateからTrackMateを起動する

画像データ: *C.elegans* AZ212 H2B-eGFP 胚発生データ [Celegans-5pc-17timepoints.tif \(94 MB\)](#).

Tinevez, J.-Y., TrackMate tutorial (<https://imagej.net/plugins/trackmate/tutorials/manual-track-editing>)

# TrackMate: LoG detectorの実行

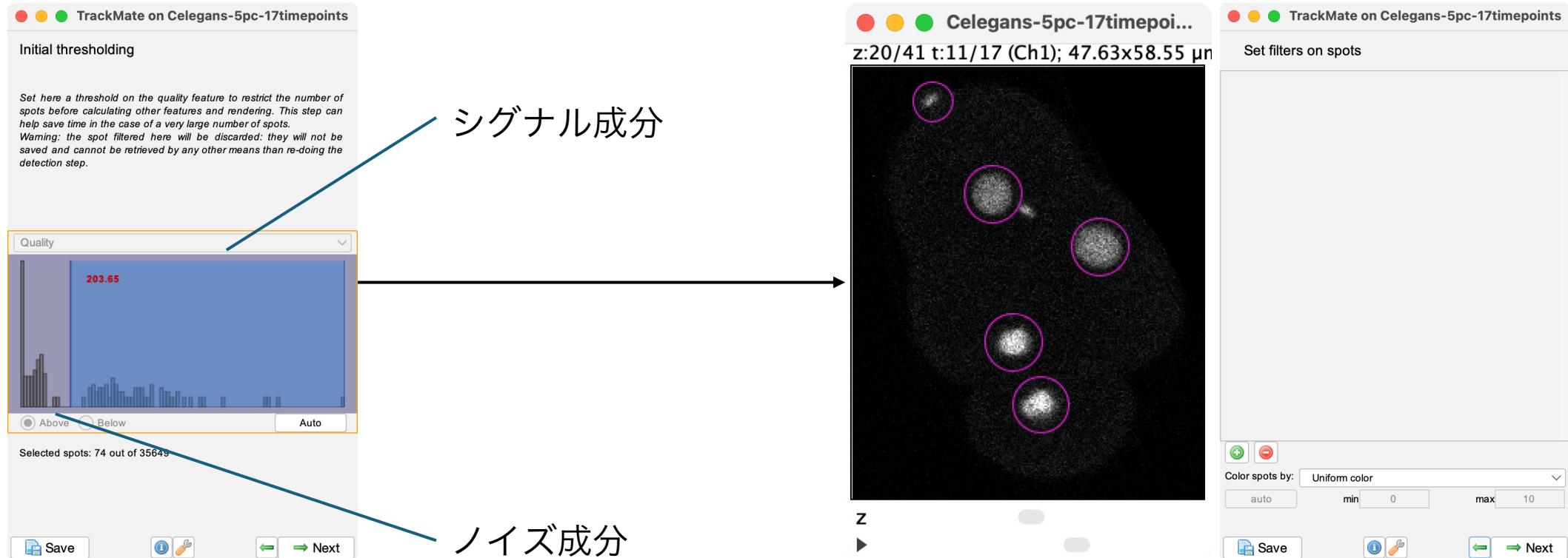


LoG detectorを選択しEstimated object diameteを8に設定（データにより調整）し解析を実行

画像データ: *C.elegans* AZ212 H2B-eGFP 胚発生データ [Celegans-5pc-17timepoints.tif \(94 MB\)](#).

Tinevez, J.-Y., TrackMate tutorial (<https://imagej.net/plugins/trackmate/tutorials/manual-track-editing>)

# TrackMate: LoG detector結果のフィルタリング

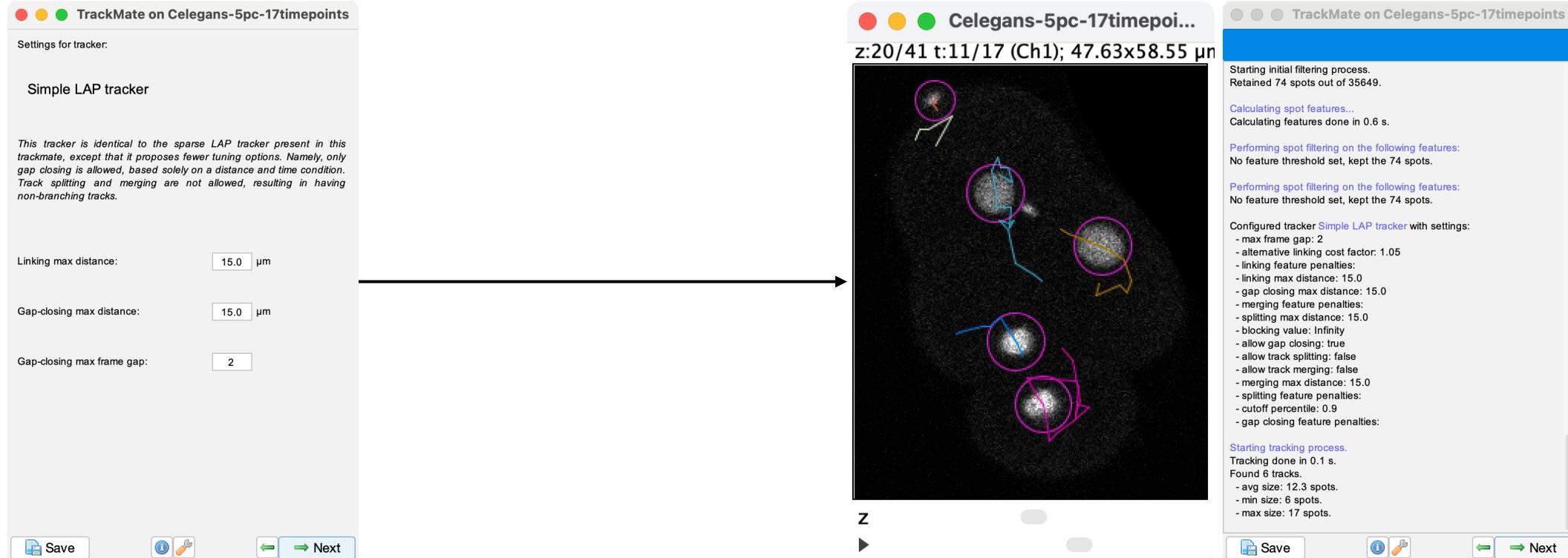


Qualityのヒストограмからノイズ成分とシグナル成分の境目にThresholdを設定

画像データ: *C. elegans* AZ212 H2B-eGFP 胚発生データ [Celegans-5pc-17timepoints.tif \(94 MB\)](#).

Tinevez, J.-Y., TrackMate tutorial (<https://imagej.net/plugins/trackmate/tutorials/manual-track-editing>)

# TrackMate: Simple LAP trackerの実行

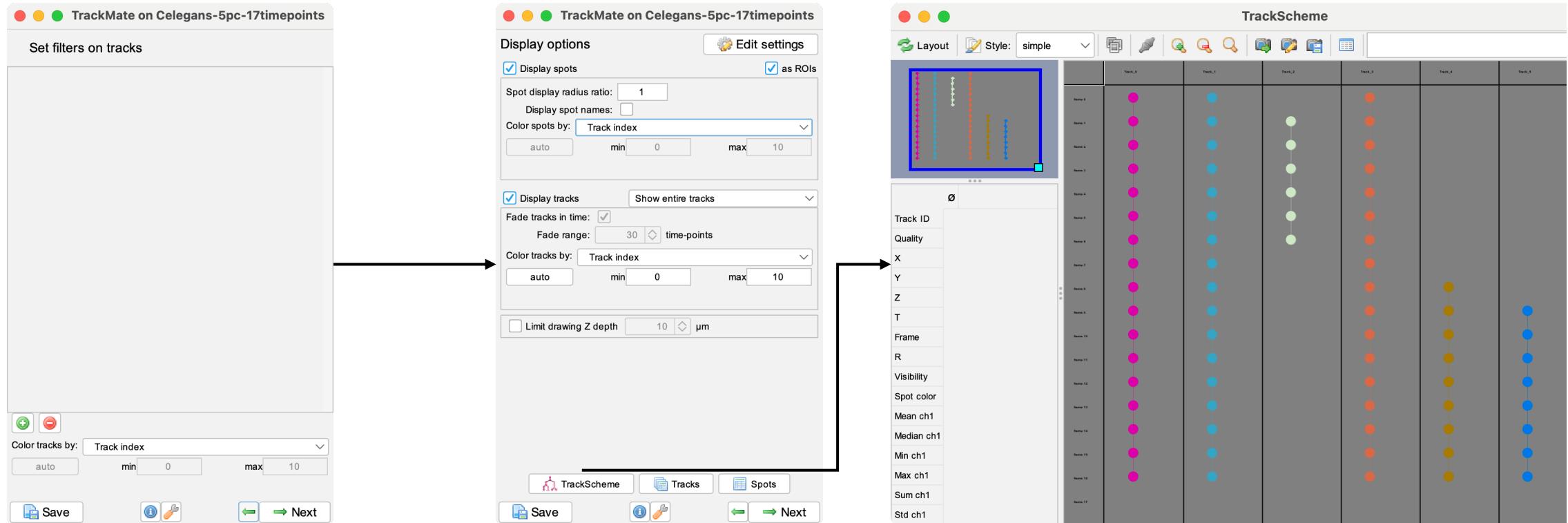


Simple LAP trackerを選択し、デフォルトのパラメータで解析を実行

画像データ: *C.elegans* AZ212 H2B-eGFP 胚発生データ [Celegans-5pc-17timepoints.tif \(94 MB\)](#).

Tinevez, J.-Y., TrackMate tutorial (<https://imagej.net/plugins/trackmate/tutorials/manual-track-editing>)

# TrackMate: TrackSchemeの表示

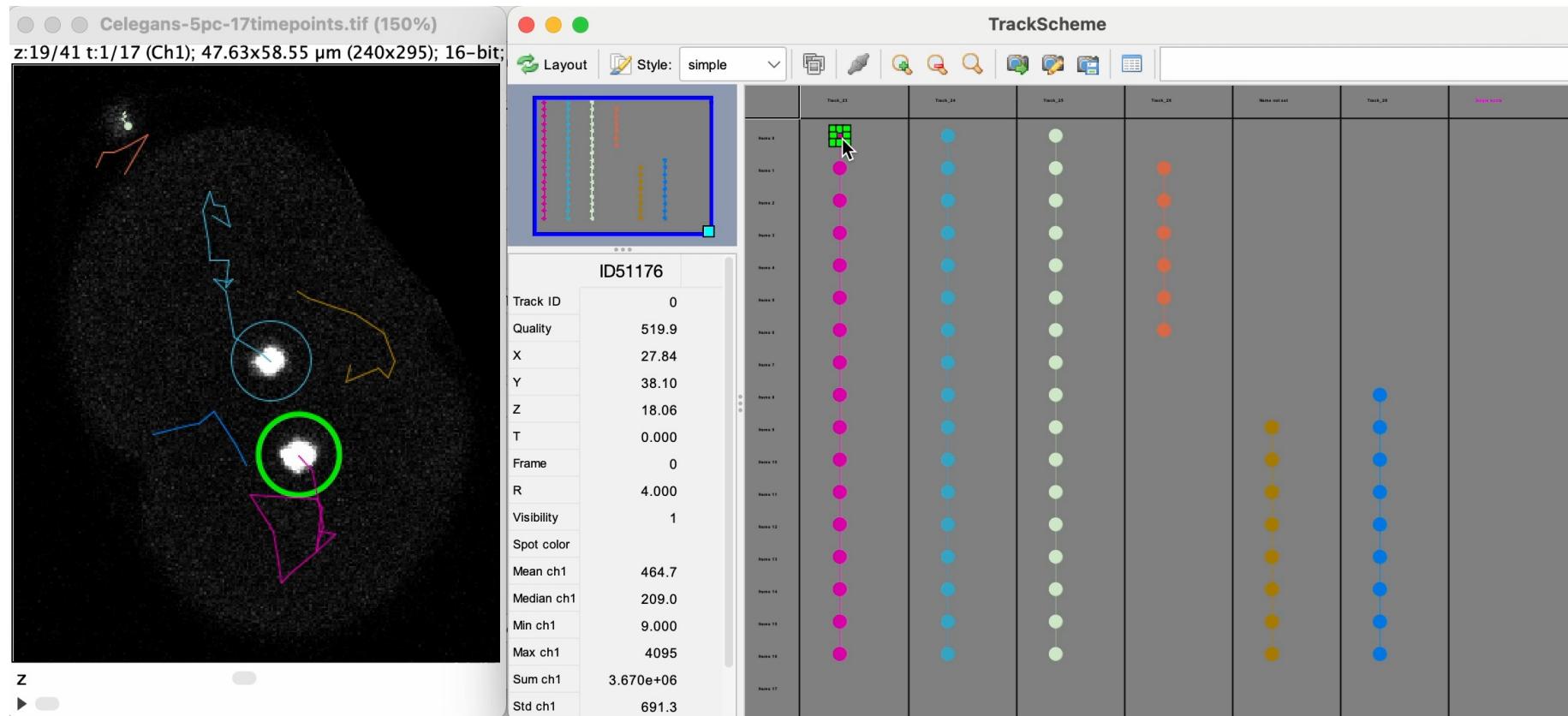


Color spots byとColor tracks byをTrack indexに設定し、TrackShcemeを表示

画像データ: *C.elegans* AZ212 H2B-eGFP 胚発生データ [Celegans-5pc-17timepoints.tif \(94 MB\)](#).

Tinevez, J.-Y., TrackMate tutorial (<https://imagej.net/plugins/trackmate/tutorials/manual-track-editing>)

# TrackMate: ト ラッ キング 結果 の 手動修 正 (動画)

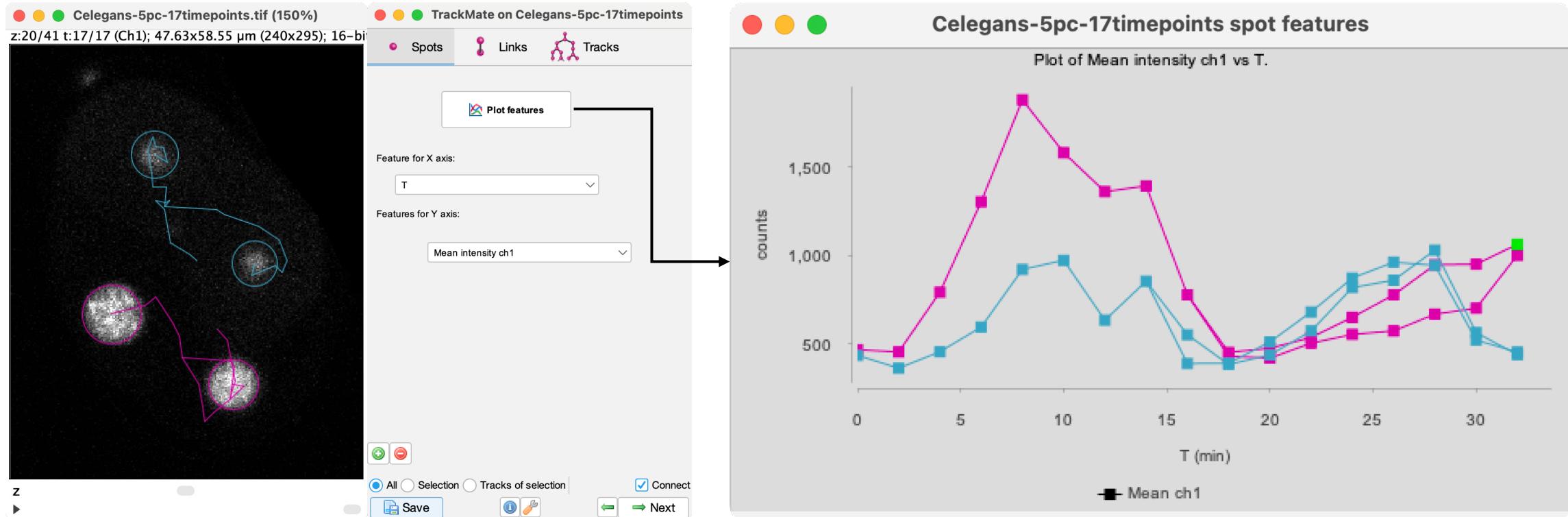


不足しているLinkを追加し、不要なSpotとLinkを削除

画像データ: *C.elegans* AZ212 H2B-eGFP 胚発生データ [Celegans-5pc-17timepoints.tif \(94 MB\)](#).

Tinevez, J.-Y., TrackMate tutorial (<https://imagej.net/plugins/trackmate/tutorials/manual-track-editing>)

# TrackMate: 特徴量プロット機能の利用



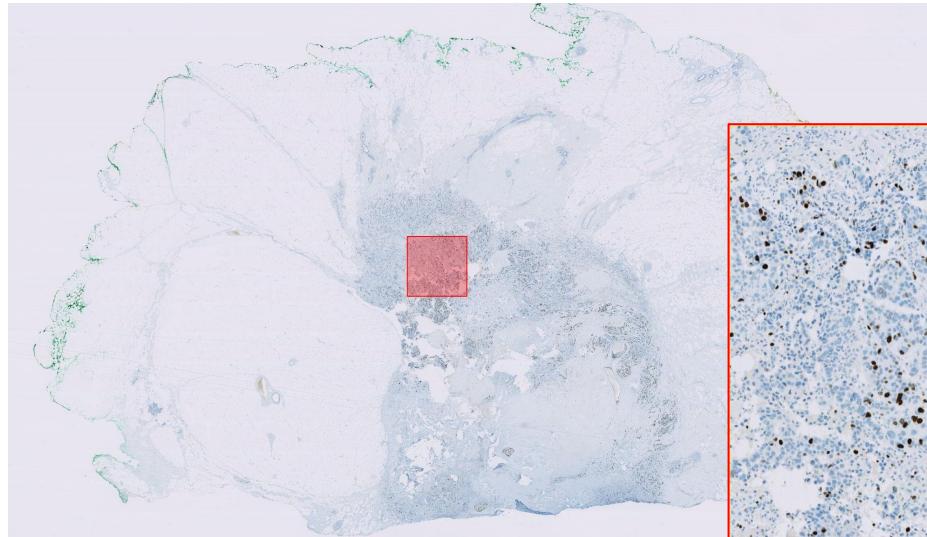
Spot, Link, Trackの特徴量（例: Spotの平均輝度）の時間変化をプロット

画像データ: *C. elegans* AZ212 H2B-eGFP 胚発生データ [Celegans-5pc-17timepoints.tif \(94 MB\)](#).

Tinevez, J.-Y., TrackMate tutorial (<https://imagej.net/plugins/trackmate/tutorials/manual-track-editing>)

# 課題3: 病理スライド画像における細胞増殖領域定量解析

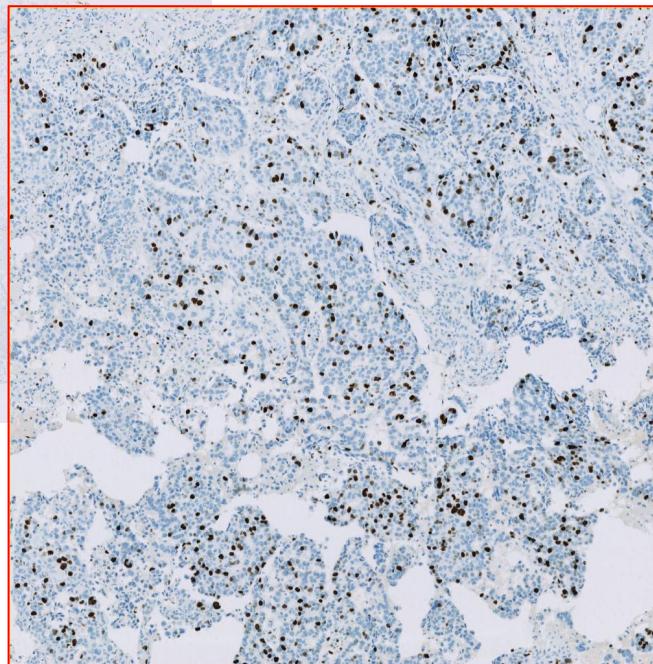
全体図



細胞増殖マーカーKi-67を用いた組織化学染色画像

画像データ: OpenSlide Test data OS-2.ndpi  
<https://openslide.cs.cmu.edu/download/openslide-testdata/Hamamatsu/>

拡大図



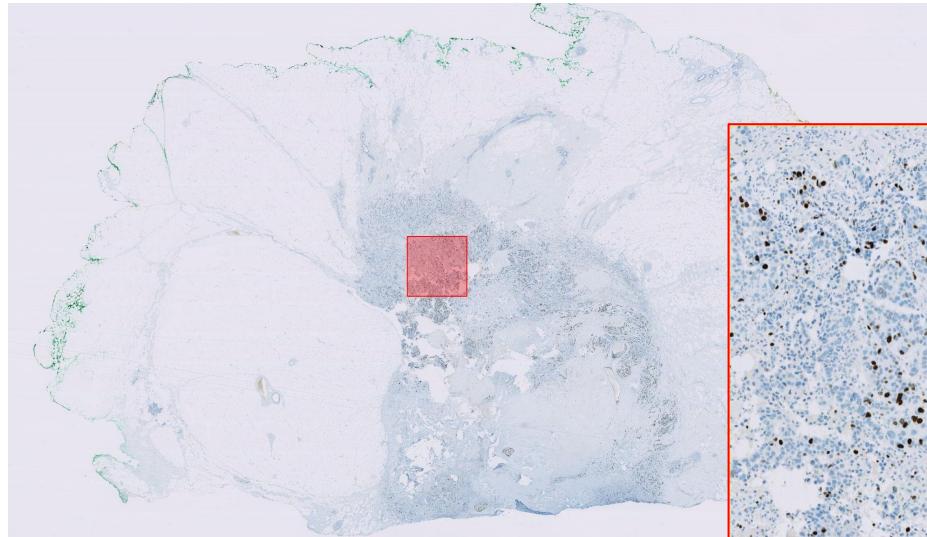
細胞増殖マーカーであるKi-67陽性細胞の割合を定量評価したい

Ki-67 index\*: XX%

\* <https://www.cancer.gov/publications/dictionaries/cancer-terms/def/ki-67-proliferation-index>

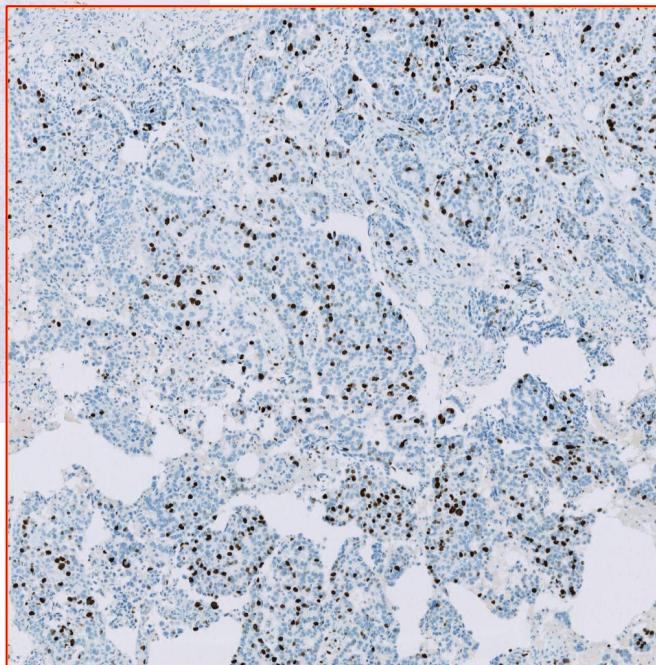
# 課題3: 解析方針の検討

全体図



細胞増殖マーカーKi-67を用いた組織化学染色画像

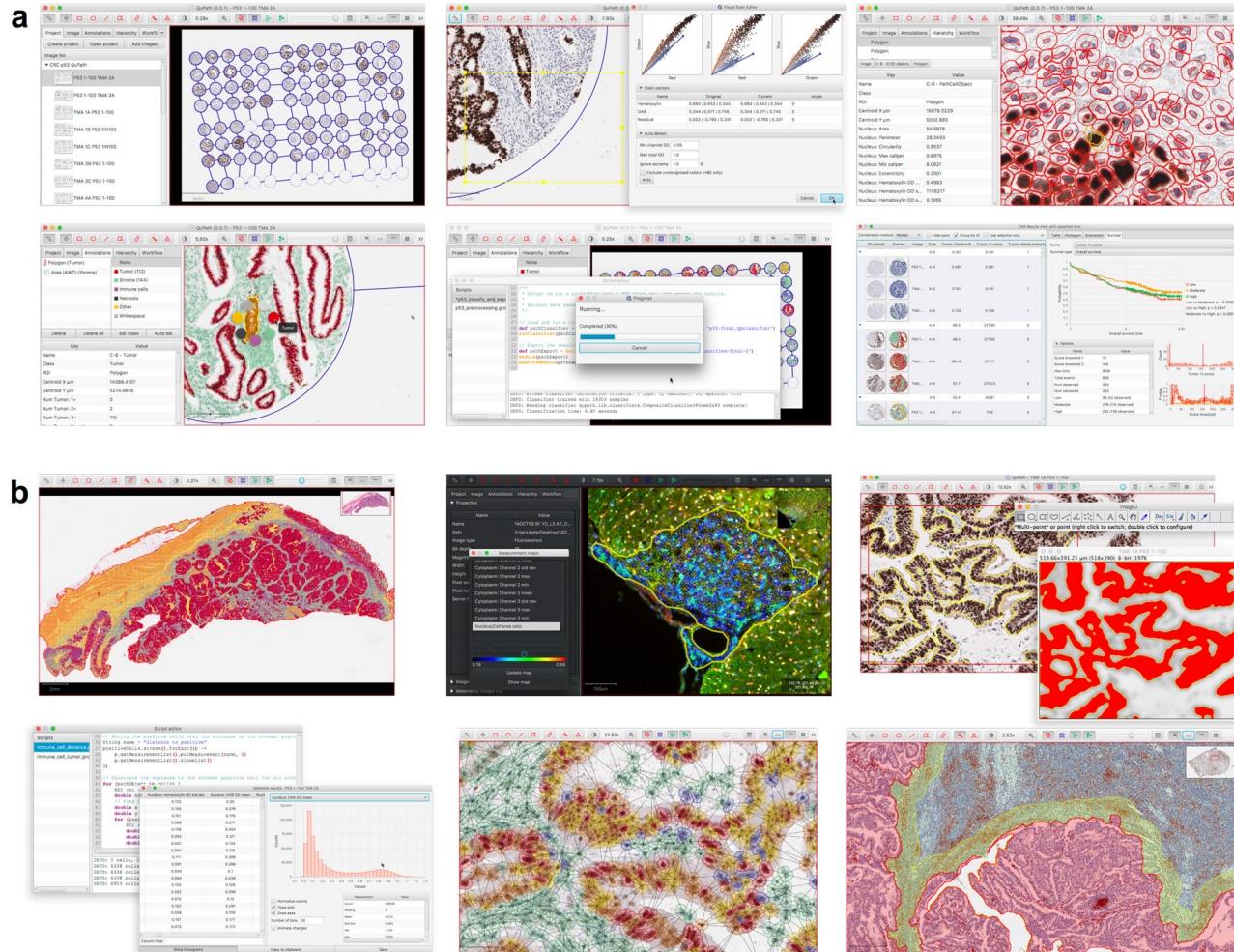
拡大図



画像データ: OpenSlide Test data OS-2.ndpi  
<https://openslide.cs.cmu.edu/download/openslide-testdata/Hamamatsu/>

- 画像サイズは?
  - 126,976 × 73,728と大きい
  - クロップ画像を用いて解析  
or
  - 病理ホールスライド画像に適したソフトウェアで解析
  - QuPath<sup>1</sup>で対応可能
- Ki-67陽性細胞割合をどのように評価するか?
  - 全細胞のうち、Ki-67が濃く染まっている細胞の割合を算出

# QuPathによる病理画像解析



以下の論文Fig. 1より画像引用

Bankhead, P. et al. (2017) *Sci Rep*, 7, 16878. doi:10.1038/s41598-017-17204-5

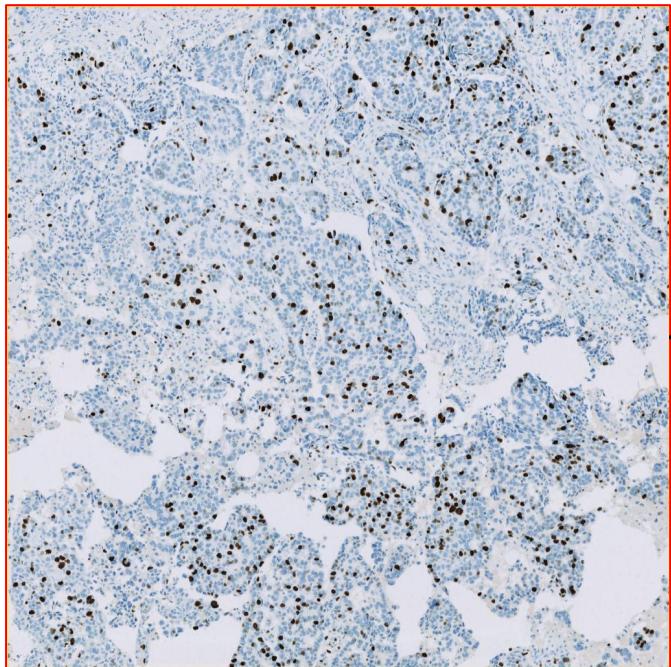
病理ホールスライド画像向けに設計された  
画像解析ソフトウェア

- 病理画像解析に特化した機能
  - 腫瘍の識別
  - バイオマーカーの定量評価
- ユーザーフレンドリー
  - 使いやすさを重視した設計
  - スムーズなホールスライド画像表示
- バッチ処理およびスクリプト機能
  - 大量の画像データを効率的に処理

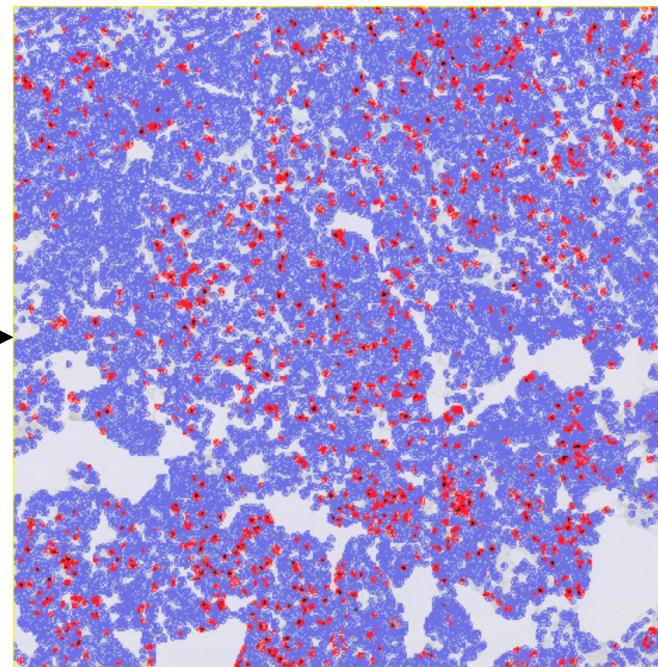
多機能かつユーザーフレンドリーなソフト  
ウェアであり病理画像解析にとどまらず広  
く使われている

# 課題3: 解析方針の決定

拡大図



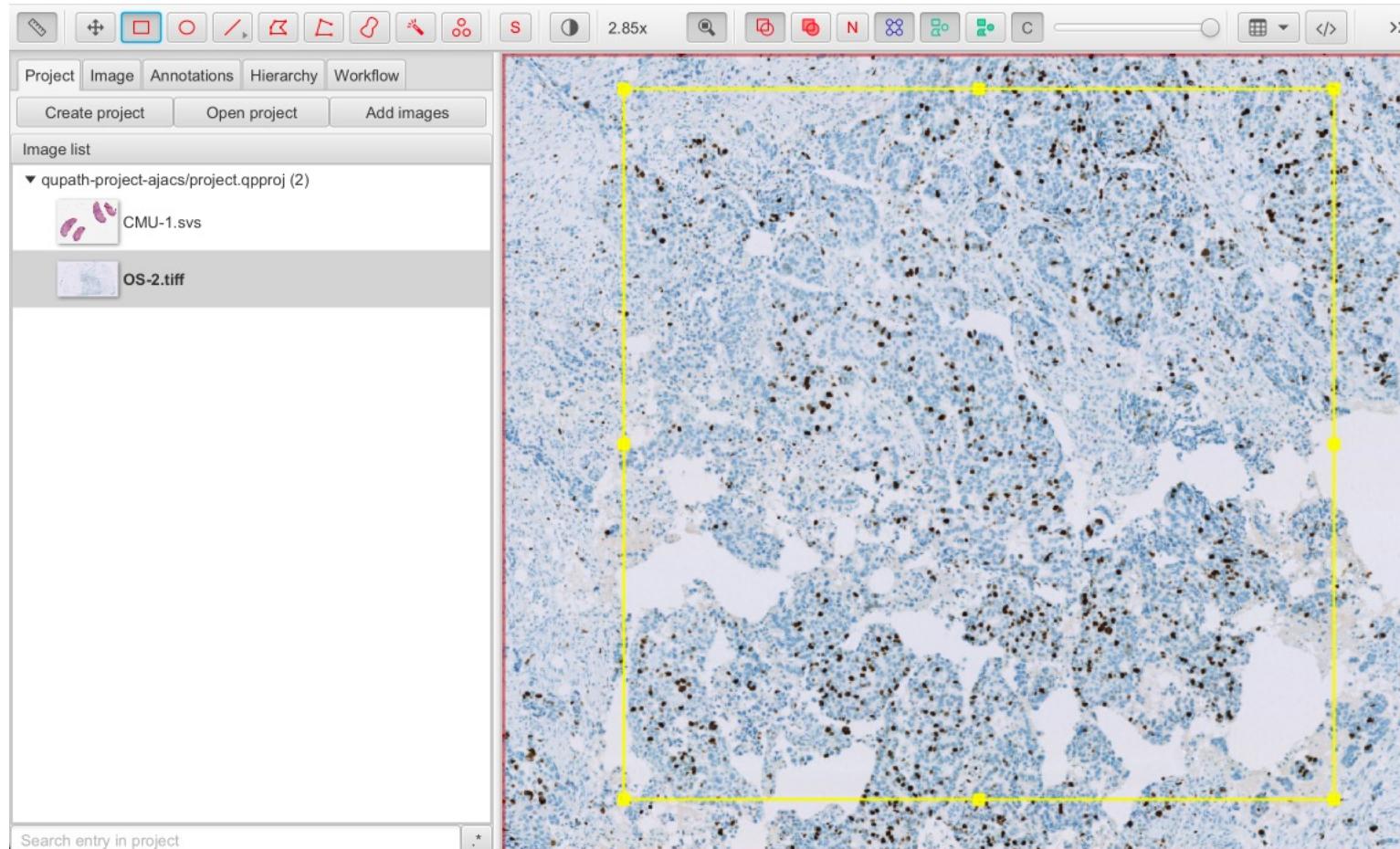
陽性細胞検出



$$\frac{\text{Ki-67陽性細胞 (赤)}}{\text{全検出細胞(青+赤)}}$$

QuPathの Positive cell detection 機能で解析を実行する

# QuPath: 解析対象領域の指定



以下のツールを使って解析対象領域を指定する。

- 矩形ツール
- 楕円ツール
- ポリゴンツール
- ブラシツール
- Wandツール

画像データ: OpenSlide Test data OS-2.ndpi

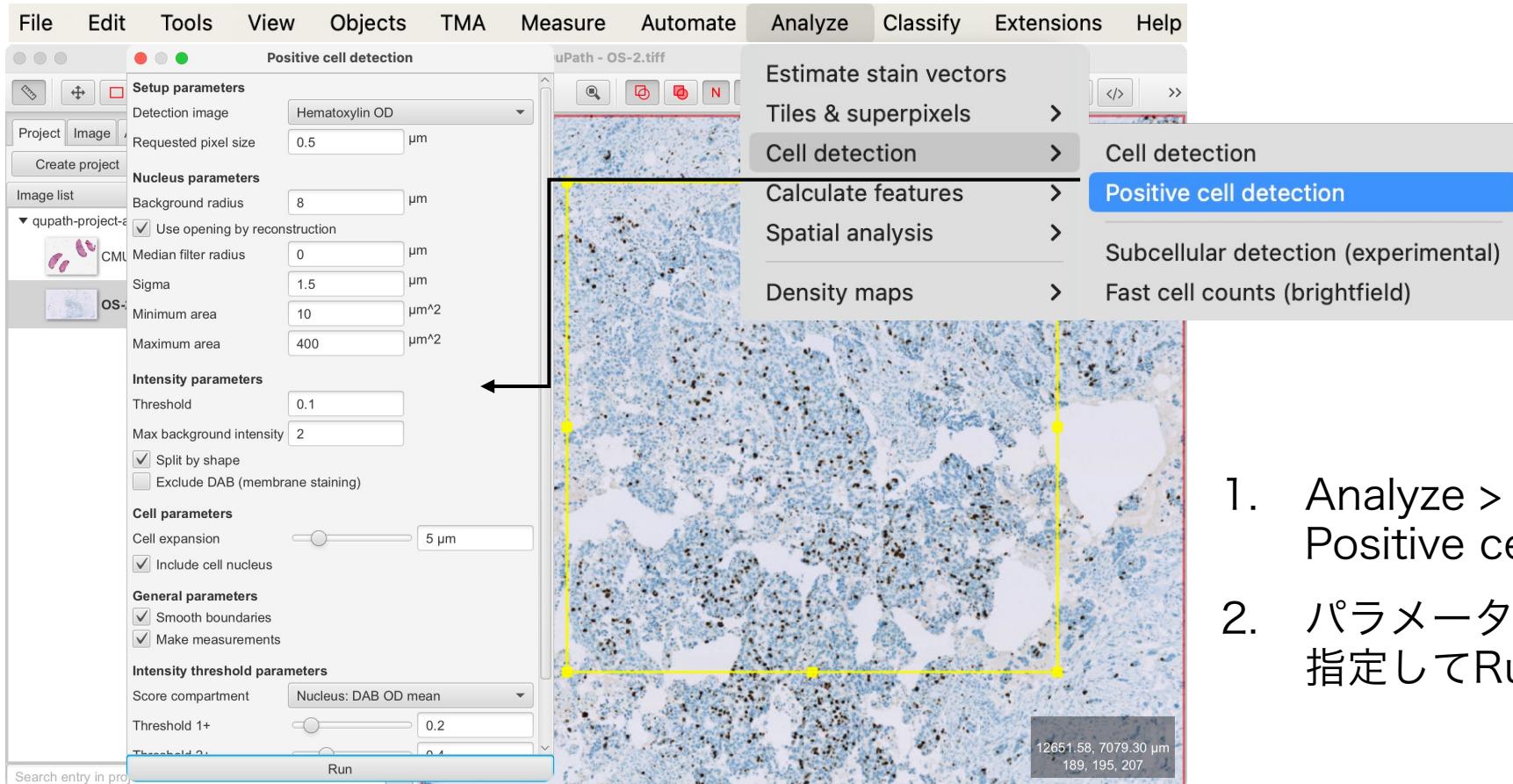
<https://openslide.cs.cmu.edu/download/openslide-testdata/Hamamatsu/>

2024年8月15日（木）JST-NBDCデータ解析講習会：AJACS（オンライン）

QuPath: <https://qupath.readthedocs.io/> による解析

Bankhead, P. et al., (2017). *Scientific Reports*, 7(1). [doi:10.1038/s41598-017-17204-5](https://doi.org/10.1038/s41598-017-17204-5)

# QuPath: Positive cell detectionの実行

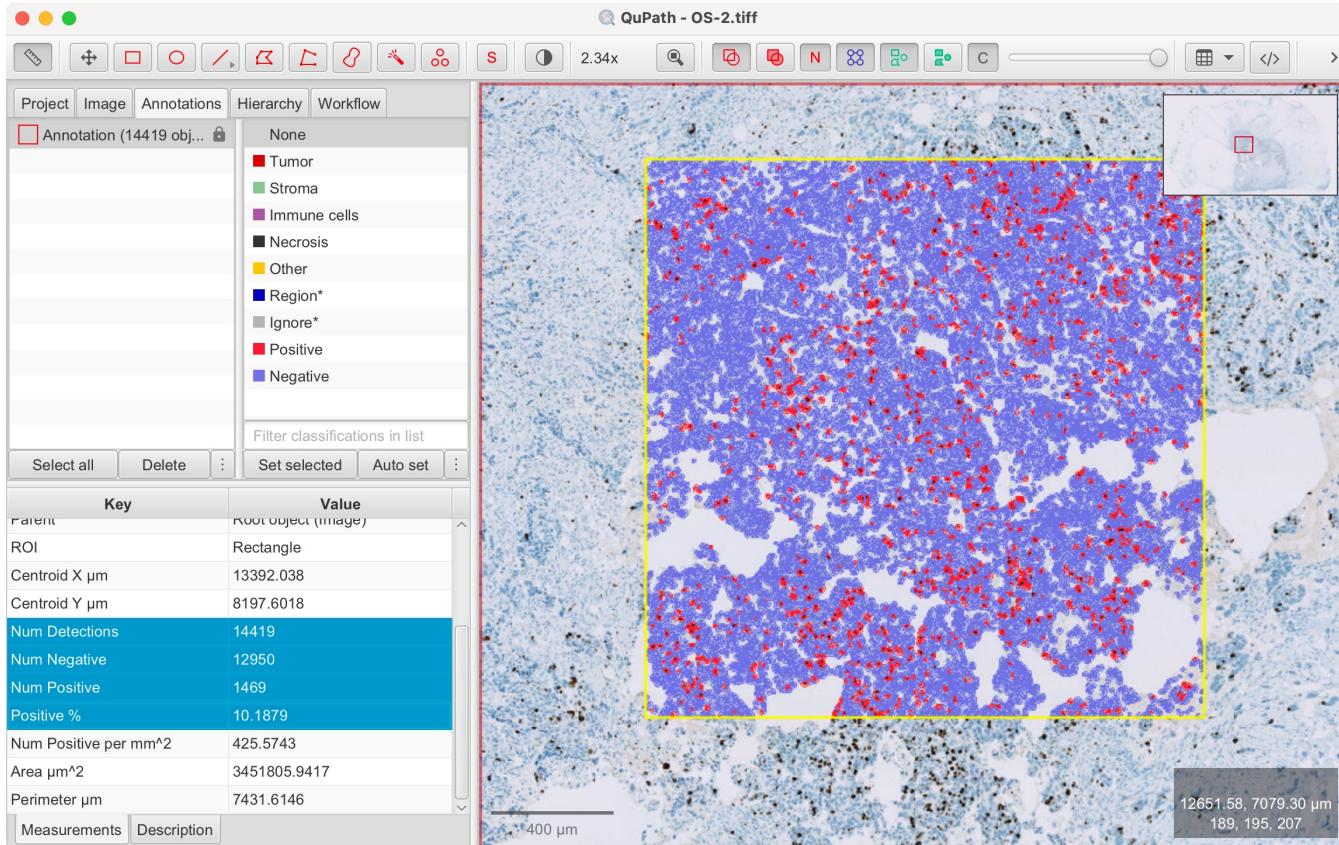


1. Analyze > Cell detection > Positive cell detectionを起動
2. パラメータ（今回はデフォルト）を指定してRunボタンを押して実行

画像データ: OpenSlide Test data OS-2.ndpi

<https://openslide.cs.cmu.edu/download/openslide-testdata/Hamamatsu/>

# QuPath: Positive cell detectionの実行



画像データ: OpenSlide Test data OS-2.ndpi  
<https://openslide.cs.cmu.edu/download/openslide-testdata/Hamamatsu/>

2024年8月15日（木）JST-NBDCデータ解析講習会：AJACS（オンライン）

1. Annotationsタブに移動
2. Measurements テーブルから計測値を確認
  - Num Detections: 全検出細胞数
  - Num Negative: 陰性細胞数
  - Num Positive: 陽性細胞数
  - Positive %: 陽性細胞割合

QuPath: <https://qupath.readthedocs.io/> による解析  
Bankhead, P. et al., (2017). *Scientific Reports*, 7(1). [doi:10.1038/s41598-017-17204-5](https://doi.org/10.1038/s41598-017-17204-5)

# 紹介したソフトウェアの公式ドキュメント



Fiji

<https://imagej.net/>



napari

<https://napari.org/>



TrackMate <https://imagej.net/plugins/trackmate/>



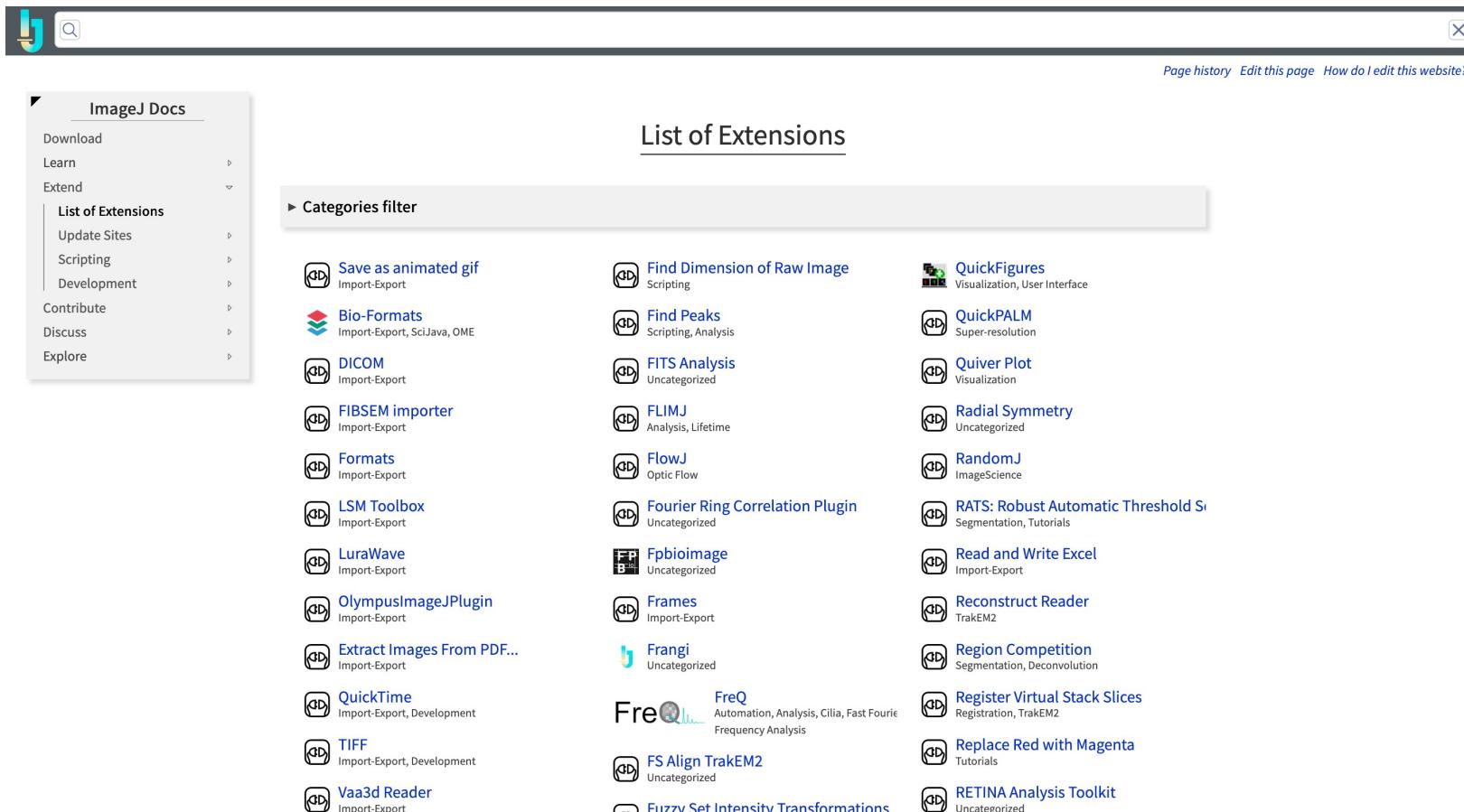
QuPath

<https://qupath.readthedocs.io/>

最新の公式ドキュメントを確認

# ImageJ プラグインまとめ

- ImageJ List of Extensions: <https://imagej.net/list-of-extensions>



The screenshot shows the "List of Extensions" page from the ImageJ Docs website. The left sidebar has a "List of Extensions" section under the "Extend" category. The main content area displays a grid of 40 plugin entries, each with an icon, name, and brief description. The plugins include Save as animated gif, Find Dimension of Raw Image, QuickFigures, Bio-Formats, Find Peaks, QuickPALM, DICOM, FITS Analysis, Quiver Plot, FIBSEM importer, FLIMJ, Radial Symmetry, Formats, FlowJ, RandomJ, LSM Toolbox, Fourier Ring Correlation Plugin, RATS: Robust Automatic Threshold S..., LuraWave, Fpbioimage, Read and Write Excel, OlympusImageJPlugin, Frames, Reconstruct Reader, Extract Images From PDF..., Frangi, Region Competition, QuickTime, Frequency Analysis, Register Virtual Stack Slices, TIFF, FS Align TrakEM2, Replace Red with Magenta, Vaa3d Reader, Fuzzy Set Intensity Transformations, and RETINA Analysis Toolkit.

Plugin	Description
Save as animated gif	Import-Export
Find Dimension of Raw Image	Scripting
QuickFigures	Visualization, User Interface
Bio-Formats	Import-Export, SciJava, OME
Find Peaks	Scripting, Analysis
QuickPALM	Super-resolution
DICOM	Import-Export
FITS Analysis	Uncategorized
Quiver Plot	Visualization
FIBSEM importer	Import-Export
FLIMJ	Analysis, Lifetime
Radial Symmetry	Uncategorized
Formats	Import-Export
FlowJ	Optic Flow
RandomJ	ImageScience
LSM Toolbox	Import-Export
Fourier Ring Correlation Plugin	Uncategorized
RATS: Robust Automatic Threshold S...	Segmentation, Tutorials
LuraWave	Import-Export
Fpbioimage	Uncategorized
Read and Write Excel	Import-Export
OlympusImageJPlugin	Import-Export
Frames	Import-Export
Reconstruct Reader	TrakEM2
Extract Images From PDF...	Import-Export
Frangi	Uncategorized
Region Competition	Segmentation, Deconvolution
QuickTime	Import-Export, Development
Frequency Analysis	
Register Virtual Stack Slices	Registration, TrakEM2
TIFF	Import-Export, Development
FS Align TrakEM2	Uncategorized
Replace Red with Magenta	Tutorials
Vaa3d Reader	Import-Export
Fuzzy Set Intensity Transformations	Uncategorized
RETINA Analysis Toolkit	Uncategorized

ImageJ List of Extensions: <https://imagej.net/list-of-extensions> Webサイトのスクリーンショット

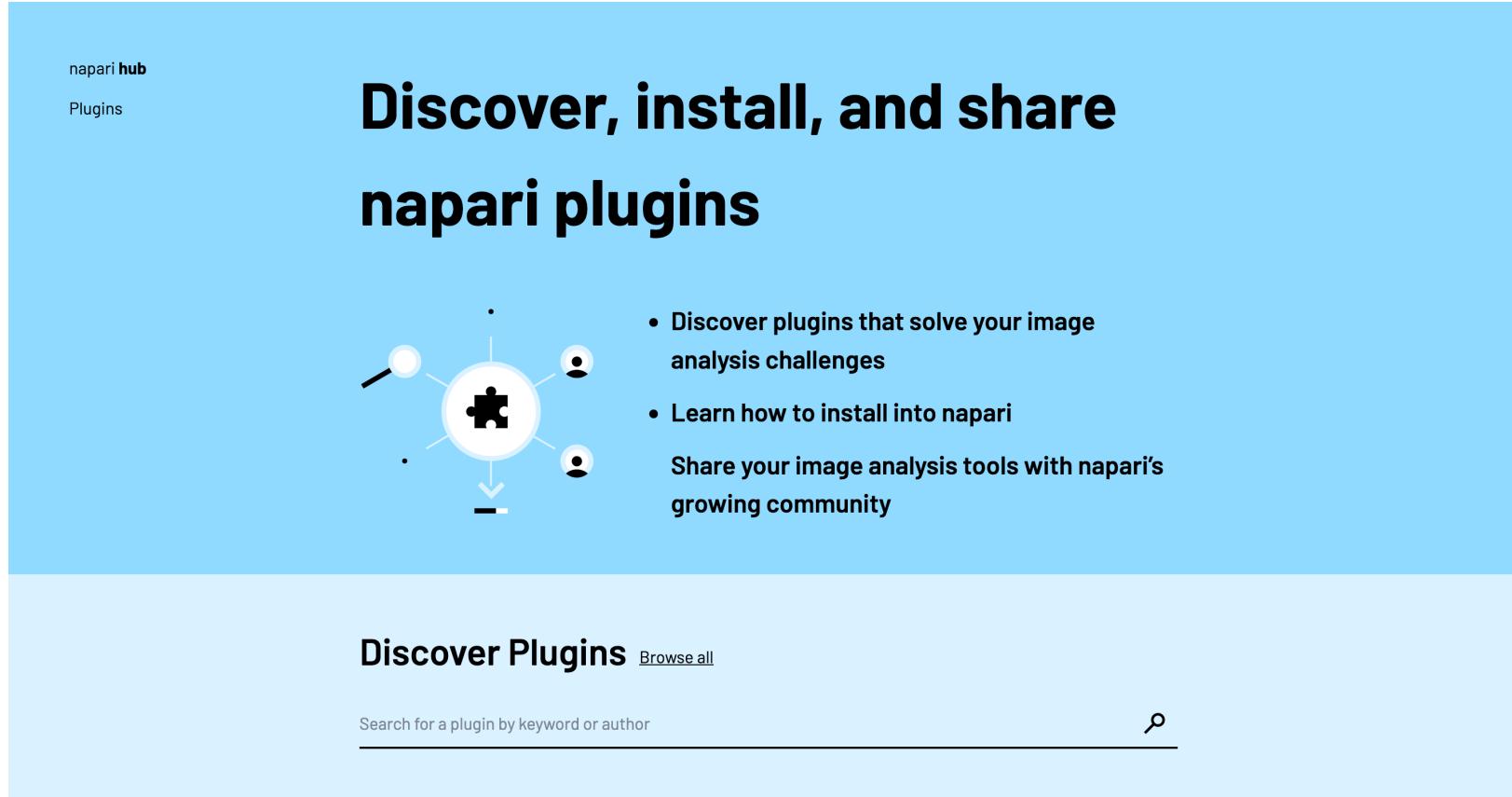
# ImageJ プラグインまとめ

- Categories filterからフィルタリングが可能

The screenshot shows the 'List of Extensions' page on the ImageJ Docs website. On the left, there's a sidebar with links like 'Download', 'Learn', 'Extend', and 'List of Extensions'. The main area has a 'Categories filter' section with two radio buttons: 'All' (unchecked) and 'Any' (checked). Under 'Any', the '3D' checkbox is selected. Below the filter are two columns of checkboxes for various categories: 'Digital Volume Unrolling', 'Entropy', 'Example Data', 'Fast Fourier Transform', 'Feature Extraction', 'Filtering', 'Fractal Dimension', 'Frequency Analysis', 'Gut', 'Help', 'Image Annotation', 'ImageJ2', 'ImageScience', 'ImgLib', 'Import-Export', 'Integral Image', 'Interactive', 'Kymograph', 'Lifetime', 'MATLAB', 'MRI', 'Machine Learning', 'Macro', 'MacroExtensions', 'Registration', 'SciJava', 'Scripting', 'Perfusion', 'Photogrammetry', 'Photography', 'Plotting', 'Projection', 'Unmaintained', 'User Interface', 'Utilities', and 'Visualization'. To the right of the filter, there's a grid of plugin cards. Some cards have icons, names, and descriptions. For example, '3D Binary Filters' is described as '3D, Binary' and '3D Blob Segmentation' as '3D, Segmentation'. Other cards include '3D cyclorama', '3D ImageJ Suite', '3D Objects Counter', '3D Segmentation', '3D Surface Plot', '3D Viewer', 'CiliaQ', 'sciview', 'Volume Calculator', and 'Volume Viewer'. At the bottom of the page, it says 'ImageJ List of Extensions: <https://imagej.net/list-of-extensions> Webサイトのスクリーンショット'.

# napari プラグインまとめ

- napari hub: <https://www.napari-hub.org/>



napari hub: <https://www.napari-hub.org/> Webサイトのスクリーンショット

# QuPath プラグインまとめ

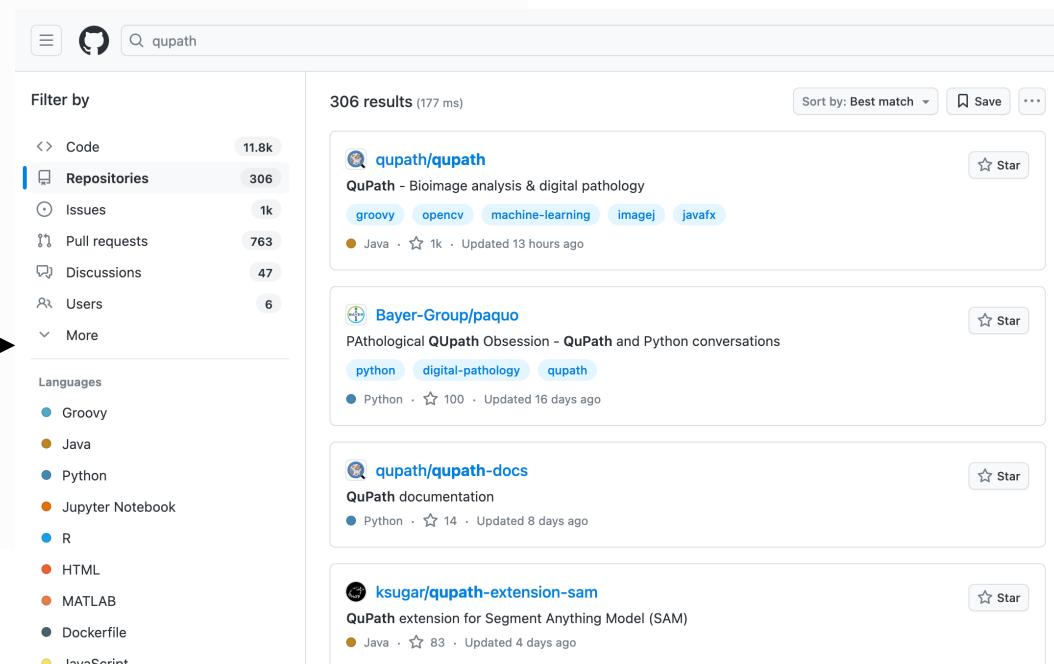
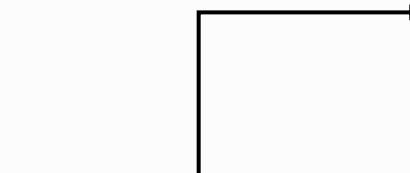
- QuPath Docs extensions:

<https://qupath.readthedocs.io/en/latest/docs/intro/extensions.html>

## Finding extensions

We don't yet have a central list for extensions. The main places to find out about them are:

- These docs – some examples include:
  - [StarDist](#)
  - [WSInfer](#)
  - [OMERO](#)
  - [Deep Java Library](#)
  - [Bioimage Model Zoo](#)
- The user forum
- Searching for QuPath on GitHub



Filter by

- Code 11.8k
- Repositories 306
- Issues 1k
- Pull requests 763
- Discussions 47
- Users 6
- More

Languages

- Groovy
- Java
- Python
- Jupyter Notebook
- R
- HTML
- MATLAB
- Dockerfile
- JavaScript

306 results (177 ms)

Sort by: Best match

QuPath Docs extensions:

<https://qupath.readthedocs.io/en/latest/docs/intro/extensions.html>

Webサイトのスクリーンショット

2024年8月15日（木）JST-NBDCデータ解析講習会：AJACS（オンライン）

GitHub <https://github.com/>

Webサイトのスクリーンショット

# image.scの利用

image.sc: <https://forum.image.sc/>

The screenshot shows the homepage of the image.sc forum. On the left is a sidebar with navigation links: Topics, My Posts, Upcoming Events, More, Categories (Announcements, Development, Image Analysis, Job Opportunities, Usage & Issues, All categories), and Tags (imagej, fiji, cellprofiler, upath, macro, All tags). The main area displays a list of posts. Each post includes the title, a brief description, the number of replies, the number of views, and the time since posted. The posts are:

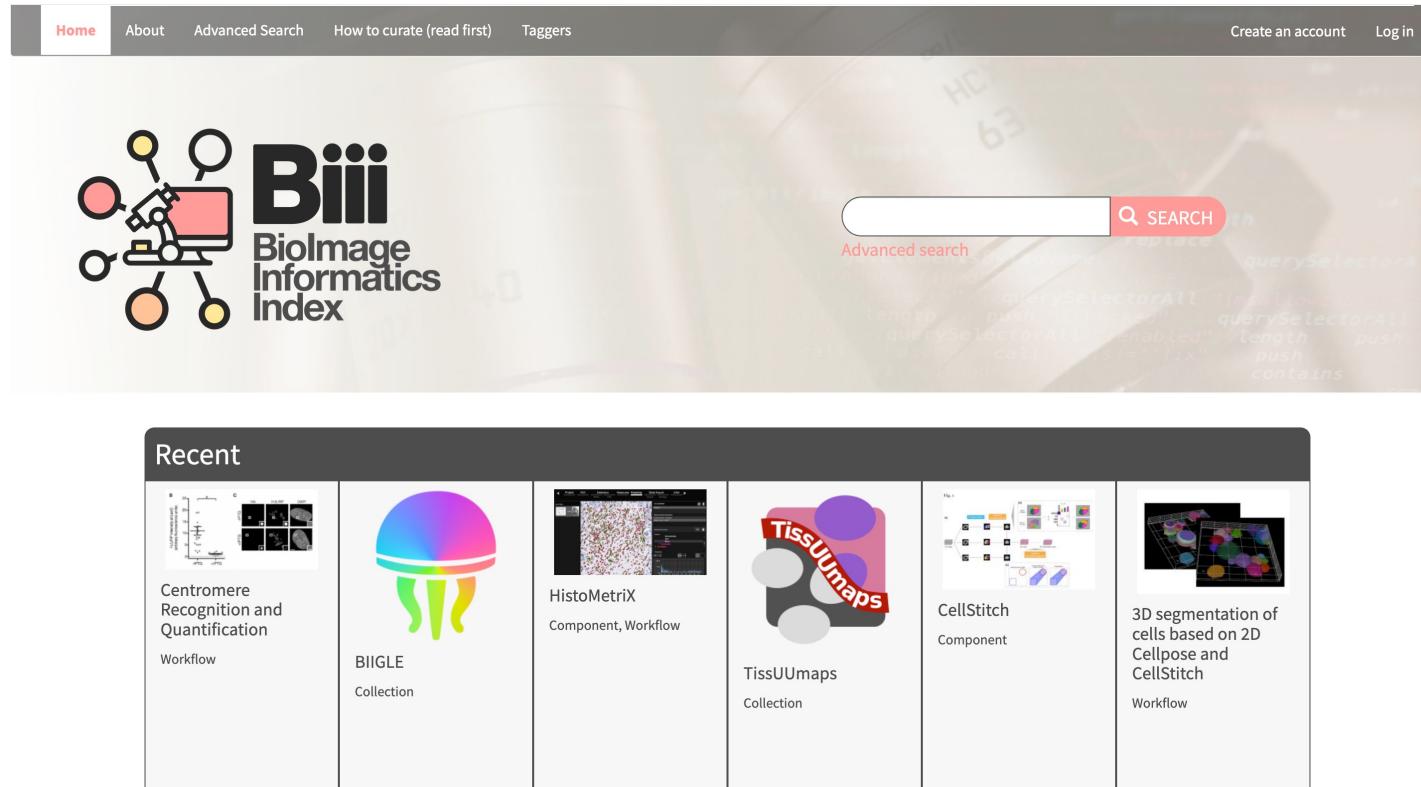
- Looking for a way to perform MSD analysis within Fiji or Python using Trackmate XML (4 replies, 717 views, 1h ago)
- How to auto-selection protein site in TEM image by analysis software (2 replies, 9 views, 5h ago)
- 3D distance measurement - mean minimal distance between surfaces (21 replies, 118 views, 8h ago)
- Return name of the image parent folder to name image and output folder (1 reply, 13 views, 9h ago)
- Opening a project created on new @qupath version on an older version (qupath 0.1.2) (0 replies, 4 views, 9h ago)
- Using Ridge Detection in ImageJ macro (7 replies, 24 views, 9h ago)
- 2D+t Dask dataset - Applying cle.translate to individual frames of each block (2 replies, 14 views, 9h ago)
- TCGA slides quality control (2 replies, 10 views, 10h ago)
- Image not opening on FIJI (5 replies, 32 views, 10h ago)

image.sc: <https://forum.image.sc/> Webサイトのスクリーンショット

image.scには生物画像解析に関する質問やアンスメントが日々投稿され、活発に議論が行われている。

# Biii (Biolimage Informatics Index)の利用

Biii (Biolimage Informatics Index): <https://biii.eu/>



Biii <https://biii.eu/> Webサイトのスクリーンショット

Biiiには生物画像解析に関する以下のコンテンツがまとめられている。

- Training Material
- Dataset
- Software

# 解析方法の検討におけるChatGPTの活用

蛍光顕微鏡で撮像した核染色画像を用いて、画像内全領域における個々の細胞核の面積を定量したいです。どのようにすればいいですか？

蛍光顕微鏡で撮像した核染色画像を用いて、個々の細胞核の面積を定量する手順を以下に示します。使用するツールとしては、ImageJ/Fijiが適しています。

## 手順

### 1. 画像の読み込み

- ImageJ/Fijiを起動し、核染色画像を読み込みます (`File > Open` )。

### 2. 画像の前処理

- 画像がノイズを含む場合、平滑化フィルタを適用してノイズを除去します (`Process > Filters > Gaussian Blur` など)。
- 画像がぼやけている場合、シャープ化フィルタを適用してコントラストを向上させます (`Process > Filters > Unsharp Mask` など)。

### 3. 閾値設定

- `Image > Adjust > Threshold` を選択し、閾値を設定して細胞核を白（前景）と黒（背景）に二値化します。
- 自動閾値設定 (`Auto` ボタン) を試した後、手動で微調整します。

### 4. 分離とラベリング

- 細胞核が接触している場合、`Process > Binary > Watershed` を使用して個々の細胞核を分離します。
- 細胞核がしっかり分離されていることを確認します。

### 5. 領域の計測

- `Analyze > Analyze Particles` を選択し、以下のオプションを設定します：
  - `Size`：目的とする細胞核の大きさに応じて範囲を設定（例えば、`0-Infinity`）。
  - `Show` オプションを `Outlines` に設定。
  - `Display results` をチェックして、結果を表示。
- `OK` をクリックすると、各細胞核の面積が計測され、結果が表示されます。

### 6. 結果の保存

- 計測結果が表示されたウィンドウから `File > Save As` を選択し、結果を保存します。

ChatGPT4oは今回の解析ワークフローとほぼ同一の回答を返した

# 解析方法の検討におけるChatGPTの活用

三次元細胞のトラッキング解析をしたいです。



三次元細胞のトラッキング解析を行うためには、適切なソフトウェアやツールを使用し、以下の手順に従うことが重要です。ここでは、Fiji/ImageJ、Imaris、TrackMate、NAPARIなどのツールを使用する一般的な方法について説明します。

## 使用ツールの選定

- **Fiji/ImageJ:** オープンソースで多機能な画像解析ツール。
- **Imaris:** 商用ソフトウェアであり、三次元画像解析に強力な機能を提供。
- **TrackMate:** Fijiのプラグインであり、2Dおよび3Dトラッキングに対応 ●

# 講義のまとめ

- 生物画像解析の実践に必要な考え方
- オープンソース生物画像解析ソフトウェアを用いた生物画像解析の実例
  - 課題1: 蛍光染色した核の面積定量 (Fiji, napari)
  - 課題2: 蛍光タイムラプス三次元画像を用いた細胞トラッキング解析 (TrackMate in Fiji)
  - 課題3: 病理スライド画像における細胞増殖領域定量解析 (QuPath)
- 生物画像解析を行なっていくために必要な情報の調べ方
  - 各ソフトウェアの公式ドキュメント
  - 各ソフトウェアプラグインのまとめ
  - image.scフォーラムやBiiiの利用
  - ChatGPTなどの活用

# 本日扱わなかった発表者に関するトピック

- ビッグデータに対応した画像解析ツール
  - BigDataViewer: <https://imagej.net/plugins/bdv/>
  - Mastodon: <https://mastodon.readthedocs.io/>
  - ELEPHANT: <https://elephant-track.github.io/>
- 最新の画像解析AIツール
  - Segment Anything Model (SAM): <https://segment-anything.com/>
  - QuPath extension SAM: <https://github.com/ksugar/qupath-extension-sam>
- バイオイメージングデータのデータベース
  - SSBD: <https://ssbd.riken.jp/database/>



# 謝辞

- 資料内で使用した画像データ提供元
  - Broad Institute [Broad Bioimage Benchmark Collection \(BBBC\)](#)
  - [Open Slide Test Data](#)
  - Jean-Yves Tinevez (Institut Pasteur)
- 資料内で使用したソフトウェア
  - Fiji: [https://imagej.net/](#)
    - TrackMate: [https://imagej.net/plugins/trackmate/](#)
  - napari: [https://napari.org/](#)
    - stardist-napari: [https://github.com/stardist/stardist-napari](#)
    - napari-skimage-regionprops: [https://github.com/haesleinhuepf/napari-skimage-regionprops](#)
  - QuPath: [https://qupath.readthedocs.io/](#)