

マーモセット全脳網羅的解析のための多階層情報の 統合と画像評価 [大会長賞記録]

石原良祐^{1,2}, 小牧裕司^{1,2}, 兼子峰明³, 植松明子^{1~3},
関布美子^{1~3}, 畑純一^{1~3}, 矢野竜太郎^{1,2}, 岡野栄之^{1,3}

¹慶應義塾大学大学院医学研究科生理学教室 ²実験動物中央研究所

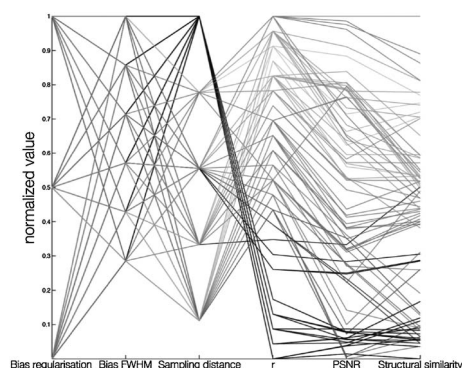
³理化学研究所脳科学総合研究センター

背景・目的

ヒトの精神・神経疾患の克服のために革新的技術による脳機能ネットワーク全容解明プロジェクトとして、マーモセット高次機能の解明が期待されている。マーモセット脳アトラスを用いることで全脳網羅的な解析が可能となる。MRIを用いたマーモセット脳のアトラス研究は標準脳 (K Hikishima, et al., Neuroimage 2011) と解剖学的情報 (T Hashikawa, et al., Neuroscience Research 2015) がこれまでであった。これらのアトラスの座標を統合することで、標準化されたマーモセット脳の網羅的解析の技術的基盤となる。

方 法

2 画像の座標統合アルゴリズムとして spm12 の Normalize を用いた。各パラメータを最適化するために RC server Calm3 (Real Computing. inc, Japan) を用いて全パラメータを総当たりに解析し、結果の画像評価を行った。評価法は、voxel by voxel の相関係数、ピーク信号対雑音比、構造的類似性を 3 次元画像に展開したものをを用いた。



結 果

三つの評価法は相互に相関していることが分かった。さらに、今回の二つのアトラスを統合するための最適なパラメータを推定することができ、この時の相関係数は 0.850, ピーク信号対雑音比 22.7 dB, 構造的類似性 0.918 であった。

結 論

このアトラスを用いることで、マーモセット全脳 connectivity 解析が可能となった。今後、原因のわかっている疾患モデルマーモセットを用いて、疾患メカニズムの解明、治療・創薬へつなげることができる。