

プロジェクト名(タイトル):

機械学習を利用した細胞トラッキング

利用者氏名:

○深井 洋佑 (1)

理研における所属研究室名:

(1) 生命機能科学研究センター 生体非平衡物理学理研白眉研究チーム

1. 本プロジェクトの研究の背景、目的、関係するプロジェクトとの関係

動く粒子のトラッキングは、さまざまな分野の実験結果の解析において重要なステップである。特に生物実験において、細胞のタイムラプス動画から細胞系譜を構築するためには精度の高いトラッキングが必要となる。細胞トラッキングのために様々なトラッキングアルゴリズムが開発されてきたが、データが多様であり、大規模な訓練データを得ることに時間的コストがかかることから、少量のデータからパラメータを推定するヒューリスティックな手法は重要性を持っている。このような状況に対して、比較的少ないパラメータ数を持ち、効率的なトラッキングを行うことができることが実証されている Linear Assignment Problem (LAP) アルゴリズムをもとに効率的に粒子の分裂・融合を含むトラッキングを行うことのできるソフトウェア「LapTrack」を開発している。

(<https://github.com/yfukai/laptrack>)

2. 具体的な利用内容、計算方法

LAP アルゴリズムをもとにしたトラッキングにおいて、部分的に正しい軌跡のアノテーションがされている場合、その情報を用いてトラッキングのためのコスト関数を学習し、性能を改善できると考え、手法の検討を行った。具体的には、粒子の類似性を判断するためのコスト関数として、アノテーションに対してトラッキングの結果が最もよく一致するようにパラメータ最適化を行なった関数を用いることで、テストデータに対するトラッキング性能がどのように改善するか調べた。

3. 結果

コスト関数としてドリフト入りのユークリッド距離を用い、集団移動する細胞集団のトラッキングを行なった場合や、色付きのブラウン運動する粒子に対して色の違いをコスト関数に入れてトラッキングを行った場合には、今回の学習手法で特にフレームレートが小さい際にテストデータに対する性能改善がみられた。一方、support vector machine や

multilayer perceptron といったより複雑な関数を学習させコスト関数として用いた場合には、今回の学習手法ではテストデータに対する性能改善はみられなかった。

4. まとめ

LAP をもとにした粒子追跡ソフトウェアについて、一部の正しい軌跡のアノテーションがある際に、コスト関数を学習させる戦略が有効となる場合があることを示すことができた。主な結果を論文としてまとめ、Bioinformatics 誌に発表している。

5. 今後の計画・展望

今回の研究では、正しい軌跡に対するアノテーションが限られている場合に特に有効な方法を模索した。一方で、十分な量のアノテーションがあれば、さらに複雑なモデルを用いた機械学習ベースのアプローチは、現在のパラメータ最適化戦略より好ましい可能性がある。今後、より複雑なモデルを用いて訓練可能なトラッキングアルゴリズムの開発や、逐次的に訓練・アノテーションを行うことのできる human-in-loop トラッキングのためのソフトウェア開発を行なっていきたい。

2022年度 利用研究成果リスト

【雑誌に受理された論文】

Yohsuke T. Fukai and Kyogo Kawaguchi, LapTrack: linear assignment particle tracking with tunable metrics、
Bioinformatics, 39(1)、btac799 (2022)

【会議の予稿集】

【口頭発表】

【ポスター発表】

【その他(著書、プレスリリースなど)】