

本件は、平成 26 年 4 月 21 日に、国際誌 Journal of Neuroscience Methods オンライン版に掲載されました。情報公開済のためプレスリリース配布と同時に解禁とします。新聞やウェブなどにご掲載いただけますと幸いです。

平成 26 年 5 月 22 日

報道関係各位

愛知工科大学・国立遺伝学研究所

～マウスの位置情報・追尾・自動推測・解析結果～  
**社会行動を自動解析するフリーウェア「DuoMouse」を開発**

愛知工科大学 機械システム工学科 荒川俊也准教授と国立遺伝学研究所 小出剛准教授、政策研究大学院大学 土谷隆教授（統計数理研究所 客員教授）は共同研究者らと共に、実験者の観点での行動観察結果を模擬して、マウスの行動を自動的に推測するプログラムを制作しました。さらに、このプログラムをベースとして、マウスの動きを撮影した動画像記録を用いて、マウスの位置情報の追尾や自動推定、さらには、解析結果までが出力できるフリーソフトウェア DuoMouse を新たに開発しました。

DuoMouse は、共同研究先である国立遺伝学研究所のホームページで公開されています。  
<http://www.nig.ac.jp/Research-Highlights/1468/1499.html>

■開発の背景

マウスの社会行動の解析はヒトの社会性関連疾患の理解の上でも重要な研究ですが、その解析手法は主に実験者による行動観察に依存しており、膨大な時間と労力を要します。たくさんの種類のマウス行動を解析するにあたっては、このことが研究上の大きな支障となっていました。

■研究成果

本学 機械システム工学科 荒川俊也准教授と国立遺伝学研究所 小出剛准教授および総合研究大学院大学大学院生の田邊彰さん、政策研究大学院大学 土谷隆教授（統計数理研究所 客員教授）は、共同研究者と共に、隠れマルコフモデルと呼ばれる、音声認識や文字認識で用いられる機械学習のアルゴリズムを応用し、実験者の行動観察法による社会行動解析の特徴をコンピュータに学習させることに成功しました。また、この学習アルゴリズムを用いて、社会行動を自動的に解析するソフトウェア DuoMouse を開発しました。

DuoMouse は、マウスの動きを撮影した動画像をソフトウェアに取り込むことによって、マウスの位置情報の追尾を行うことができます。追尾によって得られたデータを開発したアルゴリズムに適用することでマウス行動の自動推定が可能となり、さらには、解析結果までが出力できるようになりました。従来、1つの種類のマウスの解析を行う際に30分以上は費やしていましたが、このソフトを用いることによって、約1分弱と時間を短縮することが可能となりました。DuoMouse は、解析効率が良く、またあらゆる研究者が自由に使えるフリーソフトウェアとして公開しています。今後社会行動の解析や社会性関連疾患の研究に取り組む基礎研究者の研究活動に貢献するものと考えられます。

本件は、平成26年4月21日に、米国科学誌 *Journal of Neuroscience Methods* オンライン版に掲載済です。

論文：A male-specific QTL for social interaction behavior in mice mapped with automated pattern detection by a hidden Markov model incorporated into newly developed freeware

著者：Toshiya Arakawa<sup>1</sup>, Akira Tanave<sup>1</sup>, Shiho Ikeuchi, Aki Takahashi, Satoshi Kakihara, Shingo Kimura, Hiroki Sugimoto, Nobuhiko Asada, Toshihiko Shiroishi, Kazuya Tomihara, Takashi Tsuchiya, Tsuyoshi Koide.

※1 equally contributed.

*Journal of Neuroscience Methods* Available online 21 April 2014 doi:10.1016/j.jneumeth.2014.04.012

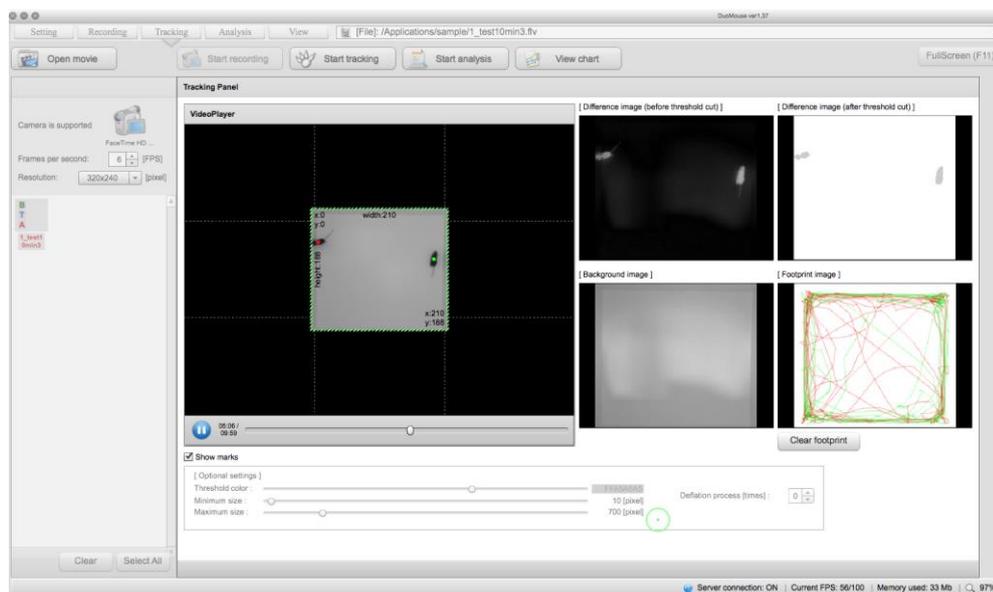


図1 マウスの動きを撮影した動画像による位置情報の追尾画面

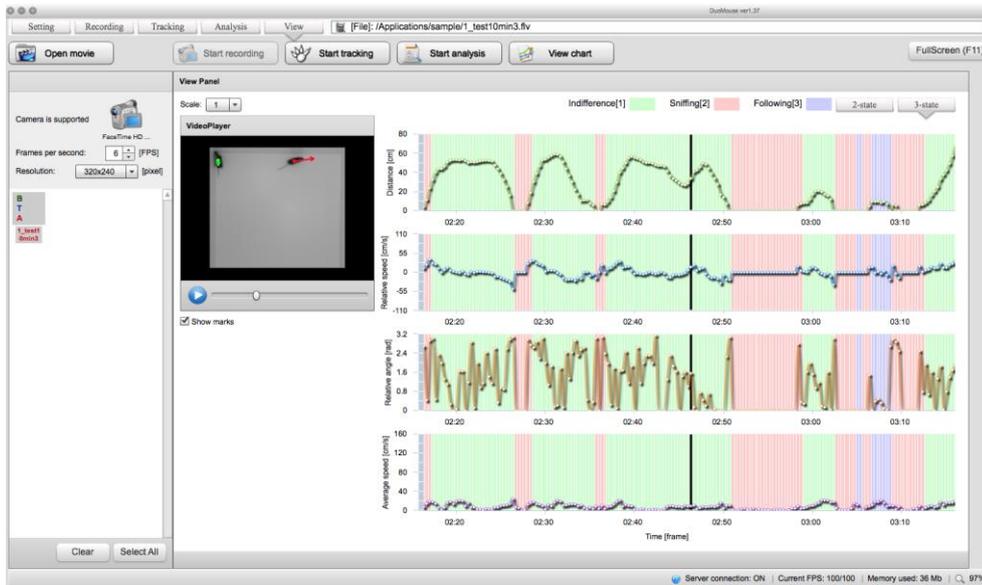


図 2 解析結果画面の一例。緑色は無関心行動、赤色は匂い嗅ぎ行動、青色は追従行動。

## ■今後の展開

社会行動の解析に取り組む多くの研究者の研究活動や、遺伝子マッピング・薬理効果の解析など、多数の個体の解析が要求される実験に貢献できます。

本研究は情報・システム研究機構新領域融合プロジェクト（遺伝機能システム学）、科学研究費補助金（23650243、25116527）、国立遺伝学研究所共同研究（2010-A40、2012-A85）、統計数理研究所や総合研究大学院大学の支援を得て行われました。本研究の一部は、荒川准教授の学位論文（総合研究大学院大学）に基づいています。

<本件に関するお問い合わせ先>

愛知工科大学 工学部機械システム工学科 准教授 荒川俊也（あらかわ としや）

E-mail arakawa-toshiya@aut.ac.jp

情報・システム研究機構 国立遺伝学研究所 マウス開発研究室 准教授 小出剛（こいで つよし）

E-mail tkoide@nig.ac.jp