

## 部分的連続画像の因子分析による細胞画像の解析

立川光、中原壽喜太、土井昭孚  
香川医科大学 医学部 物理学教室  
e-mail: tachkawa@kms.ac.jp

### I. はじめに

放射線医学の一部門である、核医学における動態機能解析の方法として、連続する画像の各画素の動的変化を多変量解析することにより、いくつかの基本的パターンを自動的に抽出する手法があり、ファクターアナリシス (Factor Analysis) と呼ばれている。連続する部分画像に対してこの解析法を行うという新しい処理法を開発した。この手法を顕微鏡レベルの細胞画像の解析に適用した。

### II. 原理とアルゴリズム

従来の動態機能解析の方法は、図1に示すように各画素（領域）値の時間的変化（タイム・アクティビティ・カーブ）を、例えば、コンパートメント・モデルに従うとしてパラメーターを求め、その値をファンクショナルイメージとして表示するのが一般的である。しかしながら、隣合う画素（領域）に対する考慮はされていない。これに対し、ファクターアナリシスは全領域の相関をもとに分析している点で画期的である。この方法の原理は連続する画像にはいくつかの生理学的な時間的動きの因子（ $q$  を因子の種類として、 $\phi q(t)$  とする）があり、それがどこにどの程度多く含まれているかを因子画像  $F q(x,y)$  で表すことである。即ち、 $x,y$  を位置、 $t$  を時間の指標とする連続画像  $X(x,y;t)$  を、 $Q$  を因子の数（解析者が設定する）とし、 $X(x,y;t) = \sum F q(x,y) * \phi q(t)$  と近似して、この両辺間の差が最小になるような、 $F q(x,y)$  と  $\phi q(t)$  を求めるものである。各画素間の相関係数を要素とした相関行列の固有値を求め、固有値の大きい順に対応する固有ベクトルを採り、その大きさの比例配分で全体の原画像を因子画像に分けることによって得られる。

### III. データ解析法と結果

カルシウムイオン測光顕微鏡の連続画像に対し、連続画像全体ではなく、1枚目から3枚目まで、次に2枚目から4枚目まで、・・・の様に連続する3枚の部分的画像要素に対して解析して、因子画像列を繋ぐ方法を行った。結果を図2に示す。

### IV. 考察・展望

細胞間に入出力する動きの要素が、重なって全体として観測されるなら、それらの要素別に分ける方法はないだろうか？ 原画像列を、単に前後の差分を取るなどの手法では、このような細胞間の動きは得られない。局所的な因子画像列を繋ぐことは、「広範囲に分布するトレーサー\*の中で、ある時間のトレーサー\*が次の瞬間にどこへ移動したか」が求められ、細胞間情報伝達-特にその時空構造-の解明のアプローチになると思われる。

臓器レベルの場合は因子画像の意味付けが比較的容易であるが、細胞レベルとなると、細胞生理学の知見による解釈がこれからの課題である。

---

\*細胞生物学では「トレーサー」を「プローブ」と称しているようである

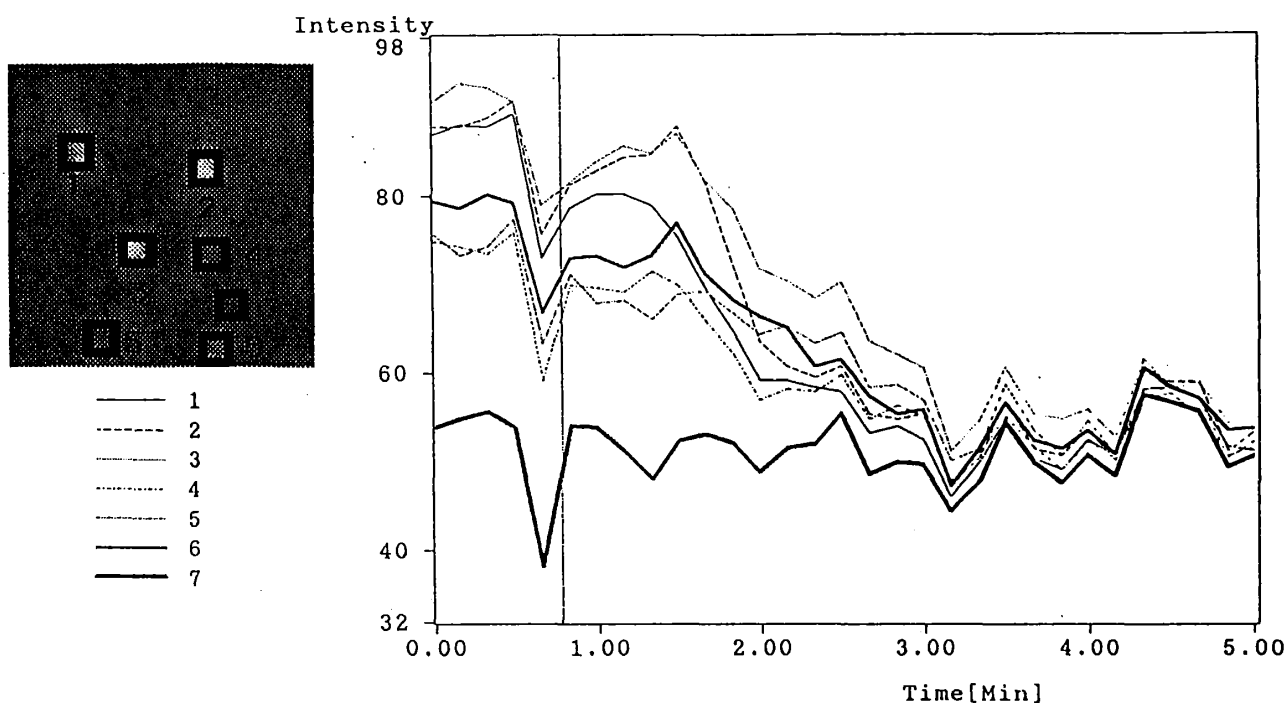


図 1 従来の動態機能解析

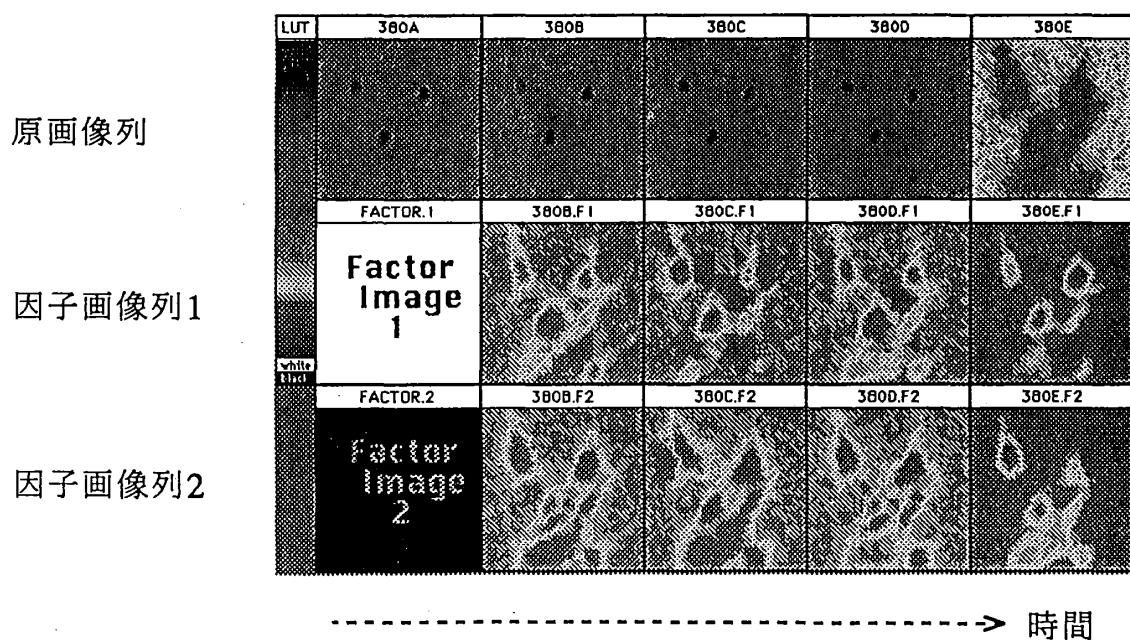


図 2 カルシウムイオン測光顕微鏡像の連続画像に対する動態機能解析  
因子画像の動き

時間間隔は 10 秒

ヒト臍帯静脈血管内皮細胞

プローブは Fura-2

浜松ホトニクス Argus-50

参考文献

立川光, 中原壽喜太, 土井昭孚, 田邊正忠: 部分的連続画像の因子分析による肺機能の複雑性の解析: 基研長期研究会「複雑系」報告 物性研究 vol.63 no.6 pp.813-816 (1995)