

# 遺伝子関連研究に向けた 3次元顔形状解析のフレームワーク

A framework of 3D facial morphology analysis  
for a genetic association study

北林大介<sup>1)</sup>、段桂芳<sup>2)</sup>、瀬尾昌孝<sup>1)</sup>、健山智子<sup>1)</sup>  
宮里絵里<sup>3)</sup>、山口今日子<sup>3)</sup>、木村亮介<sup>3)</sup>、Xiong Wei<sup>4)</sup>、陳延偉<sup>1)</sup>

Daisuke KITABAYASHI<sup>1)</sup>, Guifange DUAN<sup>2)</sup>, Masataka SEO<sup>1)</sup>,  
Tomoko TATEYAMA<sup>1)</sup>, Eri MIYAZATO<sup>3)</sup>, Kyoko YAMAGUCHI<sup>3)</sup>,  
Ryosuke KIMURA<sup>3)</sup>, Xiong WEI<sup>4)</sup>, Yen-Wei CHEN<sup>1)</sup>

E-mail : c.sphere11@gmail.com, chen@is.ritsumei.ac.jp

## 和文要旨

遺伝子に関係した研究は様々な分野で行われており、顔面形態と遺伝子の関係性にも注目が集まっている。顔面形態の統計的な解析は、そのような遺伝子関連研究の分野においても重要な役割を果たすことが期待される。顔面形態の解析手法を構築する上での問題点として、3次元形状の比較が必要なこと、確立された解析手法が存在しないことが挙げられる。本論文ではこれらの問題に取り組み、遺伝子関連研究に向けた顔形状解析のためのフレームワークを提案する。実験には沖縄地方と日本本土の男性から3Dスキャナを用いて取得した3次元顔形状データを使用する。我々はこれらのデータに対して円筒座標変換に基づく2次元射影を行い、2次元画像と3次元形状の対応から特徴点を取得した。得られた特徴点を用いた3D-Generalized Procrustes Analysisによる位置合わせとThin Plate Splineに基づいたデータ間の対応付けにより、3次元形状の比較という問題に対処した。また、対応付け後に主成分分析を用いた特徴定義を行い、フィッシャー判別式に基づき地域特有の特徴を選択する。選択された特徴を用いて線形判別分析による顔形状の分類を行い、交差検定法を用いて精度を検証した。実験結果から、選択された特徴のみでも一定の分類精度が得られることが確認できた。選択された地域特有の特徴に注目することで、遺伝子関連研究の効率向上に貢献が可能である。

キーワード：顔面形態解析，3次元位置合わせ，対応付け，主成分分析，特徴選択，線形判別分析

Keywords : Facial morphology analysis, 3D alignment, Point correspondence,  
Principal Component Analysis, Feature selection, Linear Discriminant Analysis

## 1. はじめに

遺伝子に関連した研究は世界的に行われており、2003年にヒトゲノムの解析が終了して以降、遺伝子に記録された情報の理解に対して関心が集まっている。近年、顔面形態と遺伝子間にも関連性が指摘されており、地域によって遺伝子の塩基配列を特徴づけることが可能である [1][2]。

日本国内では、沖縄地方に特徴的な顔面形態の傾向が見られ、遺伝子との関連性が注目されている。ここで、地域毎の顔面形態の定量評価が可能になれば、遺伝子特徴の分類に関する既存の研究結果を利用し、どの遺伝情報が人間の顔面形態に寄与するか解明することが出来る。また研究の展望として、人類の移動、進化を扱う人類学や遺伝

<sup>1)</sup> 立命館大学大学院、Ritsumeikan University

<sup>2)</sup> 浙江大学、Zhejiang University

<sup>3)</sup> 琉球大学、Ryukyu University

<sup>4)</sup> シンガポール国立大学、National University of Singapore