

数学・数理科学と情報科学の連携・融合による情報活用基盤の創出と社会課題解決に向けた展開

2019年度採択研究代表者

2022年度
年次報告書

権島 祥介

東京大学 大学院理学系研究科
教授

情報量で読み解く細胞の生命現象

主たる共同研究者:

宇田 新介 (九州大学 生体防御医学研究所 准教授)
佐甲 靖志 (理化学研究所 開拓研究本部 主任研究員)
幡野 敦 (新潟大学 大学院医歯学総合研究科 助教)

研究成果の概要

以下の成果が得られた。

樺島 G: Lasso 線形回帰を用いたイジングデータからのネットワーク再構成問題に関して数学的に厳密な結果が得られた。また、新規な研究課題として、画像生成モデルを利用した圧縮センシング法の開発に着手した。この方法では、拡散モデルと呼ばれる画像生成モデルを事前分布とすることで、ベイズの定理に基づいた効率的な情報獲得が可能になる。特に量子化された観測過程に関してその有用性を示した。

佐甲 G: 移動エントロピーの評価による細胞内情報流計測は、細胞内の化学反応ネットワークの解析法としては新しく、得られる知見や方法の限界について慎重な議論が必要である。佐甲グループでは、ERBB-RAS-MAPK システムにおける情報流の入力依存性を解析し、薬理・病理学への応用可能性を検討した。情報流の時間的な切替りなど興味深い知見が得られ、有用性が示された(論文準備中)。

宇田 G: 分化マーカーの影響を考慮した遺伝子間相互作用を interaction information によって定義し、並び替え検定を行うことで 1 細胞レベルの遺伝子発現データから胸腺 T 細胞の分化過程に関与すると考えられる遺伝子発現ネットワークを推定した。各分化過程のネットワークに出現する遺伝子に対してエンリッチメント解析を適用した結果、遺伝子の一部が免疫システムに関わっていることが示唆された。

幡野 G: 胸腺T細胞の 1 細胞 RNA シーケンシングの追加データ取得を行った。このデータは宇田 G による遺伝子発現ネットワーク推定の解析精度向上のために使用される。また、シグナル伝達ネットワーク推定の解析では T 細胞受容体シグナル伝達に重要なキナーゼ LCK に着目した解析により、その制御に重要なリン酸化の動態の定量法を構築し、データ取得を行った。

【代表的な原著論文情報】

- 1) X. Meng and Y. Kabashima, “Quantized Compressed Sensing with Score-based Generative Models”, in Proc. ICLR2023; arXiv: 2211.13006
- 2) K. Okamoto and Y. Sako, “Two Closed Conformations of CRAF Require the 14-3-3 Binding Motifs and Cysteine-rich Domain to be Intact in Live Cells”, Journal of Molecular Biology, vol. 435, 167989 (1-10), 2023
- 3) Ito Y., Uda S., Kokaji T., Hirayama A., Soga T., Suzuki Y., Kuroda S. and Kubota H., “Comparison of hepatic responses to glucose perturbation between healthy and obese mice based on the edge type of network structures”, Scientific Reports, 13:4578. <https://doi.org/10.1038/s41598-023-31547-2>, 2023