

2023 年度年次報告書

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

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 (山口大学 情報・データ科学教育センター 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:生成モデル $p(x)$ ($x \in \mathbb{R}^N$)が拡散モデルによって表現されている状況下で、一般化された線形観測 $y = Q(Ax + z) \in \mathbb{R}^M$ ($M < N$, z は観測ノイズ) から信号 x を復元する方法を開発した。また、CREST バイオ DX 岡田康志 Tと協力し、ブラウン運動の軌跡から異方性のある微小粒子の拡散係数を推定する方法を開発した。

佐甲 G:細胞内情報流解析法を見直し、ERBB-RAS-MAPK システムが示す遷移的な反応ダイナミクスが持つ情報流の特徴を捉える計算法を考案した。SOS, RAF 間の時間軸に沿った情報のやりとりを検出し、フィードバック経路を含む複数情報伝達経路の存在と、反応阻害剤や遺伝病変異の作用点が明らかにした。論文(Umeki et al.)をプレプリントサーバ(bioRxiv)に公開して、査読システム(Review Commons)に投稿した。

宇田 G:胸腺 T 細胞の分化において Interaction information を用いて遺伝子ネットワークを解析し、分化において重要な役割を担っていると考えられることのできる遺伝子群を抽出した。遺伝子群には、先行研究により分化に重要であると考えられている遺伝子がいくつか含まれている。また、抽出した遺伝子群を用いて細胞のクラスタリングを行ったところ、未知の細胞亜集団が存在することが示唆された。

幡野 G:シクロスポリン A 処理し、分化異常を示すマウスの胸腺T細胞の 1 細胞遺伝子発現解析を実施し、正常と疾患条件でそれぞれ 1000 細胞近くの胸腺 T 細胞の遺伝子発現解析データを取得した。またクロマチンプロテオミクス技術である Chromatin enrichment for proteomics (ChEP)を胸腺 T 細胞に最適化し、カルシウム刺激およびシクロスポリン A に感受性のある遺伝子発現制御の候補分子の同定を行った。

【代表的な原著論文情報】

- 1) Xiangming Meng, Yoshiyuki Kabashima, QCM-SGM+: Improved Quantized Compressed Sensing With Score-Based Generative Models, in Proc. AAAI2024; arXiv:2302.00919 (2023)
- 2) Umeki, N., Kabashima, Y., and Sako Y. Evaluation of information flows in the RAS-MAPK system using transfer entropy measurements. bioRxiv, doi: 10.1101/2023.08.06.552214 (2023)
- 3) Kaito Takanami, Daisuke Taniguchi, Sawako Enoki, Masafumi Kuroda, Yasushi Okada, Yoshiyuki Kabashima, Detection of diffusion anisotropy from an individual short particle trajectory, arXiv:2401.15909 (2024)