

数学と情報科学で解き明かす多様な対象の数理構造と活用
2020 年度採択研究者

2021 年度 年次報告書

前原 一満

九州大学 生体防御医学研究所
助教

生命現象の定性的理解を支援するデータ解析技術の創出

§ 1. 研究成果の概要

本計画では、組合せ論的ホッジ分解による流れの構造抽出をコア技術とし、大規模なデータの背後に潜む定性的知識の獲得を目指している。計測・モデリング・データ解析を通じた統一的なデータ解析フレームワークの創出により、分子から細胞・組織スケールの複雑な生命システムを背景とする大規模計測データから、流れの構造を通じた対象の定性的理解、すなわち人間に馴染みやすい概念の獲得が実現できると考えている。本年度は、昨年度まで取り組んできた簡単な勾配場の設定からより発展させ、広い対象のベクトル場の分解・解釈の方法論の確立を目指した。とくにフロー(辺の重み)の与え方として、RNA velocity に代表される velocity(位置と速度)データを対象とした。結果、Velocity データを用いたポテンシャル推定法に一定の正当性を与えることができた。また、数値計算と統計手法のあわせ技として、頂点上の関数を空間的に滑らかに推定する、ノイズやサンプリングの粗密に強いベクトル場の発散の推定法を得た。また、大規模オミクス計測技術の確立においては、独自技術である ChIL を生体組織の解析に応用し、微小な組織切片から転写の動態を評価する方法論を提案し、筆頭論文として発表した¹⁾。また、単一細胞 RNA-seq を用いた識別的方法による新しい細胞プロファイリング法を提案し、筆頭・責任著者として論文発表を行った²⁾。トランスクリプトーム・エピゲノム計測技術、およびオミクスデータ解析技術を提供した共同研究も3件の論文成果を挙げた。

【代表的な原著論文情報】

- 1) Maehara, K. *et al.* Modeling population size independent tissue epigenomes by ChIL-seq with single thin sections. *Molecular systems biology* **17**, e10323 (2021).
- 2) Fujii, T., Maehara, K., Fujita, M. & Ohkawa, Y. Discriminative feature of cells characterizes cell populations of interest by a small subset of genes. *PLoS computational biology* **17**, e1009579 (2021).