

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年度採択研究代表者

2022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

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。本年度までの取り組みにより、ポテンシャルおよびその局所的形状を示すヘッセ行列の情報を単一細胞遺伝子発現データから復元する手段を得ることができた。昨年度までは低次元のシミュレーションデータを用いながら開発手法の検証を行ってきたが、本年度は、単一細胞遺伝子発現データ(千~万次元)に適用するため、小さい次元の空間に分割し、適切に継ぎ合わせることでデータの高次元化に対応した。もし、解析対象のダイナミクスが勾配のみで説明できるエネルギー地形のような想定であれば、ベクトル場のポテンシャルや発散を計算できれば十分である。しかし、本プロジェクトにおけるホッジ分解に基づくデータ解析の指針は、ベクトル場を勾配+回転+大域循環の3成分にそれぞれ分けて考察することである。そこで上記で開発したヘッセ行列推定法を応用した回転成分推定や、大域循環成分の抽出・解釈の方法を開発した。共同研究については、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支援を行った論文成果が得られた^(1,2)。

【代表的な原著論文情報】

- 1) “Photo-isolation chemistry for high-resolution and deep spatial transcriptome with mouse tissue sections”, STAR Protoc. vol. 3 No. 2, pp.101346, 2022
- 2) “Tenogenic Induction From Induced Pluripotent Stem Cells Unveils the Trajectory Towards Tenocyte Differentiation”, Front Cell Dev Biol, vol.10, pp.780038,2022