基礎研究　応用研究

L3

生命科学

おすすめ

バーチャル1細胞トランスクリプトーム

～様々な臓器を細胞単位で見る～

概要

1細胞トランスクリプトームは臓器の状態を細胞単位という高解像度で明らかにでき、疾患進行の詳細の解明などに役立ちます。一方で、倫理的理由や実施負担の大きさなどによりヒト組織や同一個体の多臓器での細胞単位の解析は容易ではありません。そこで、臓器単位のデータから細胞単位のデータを予測計算する手法を開発しました。

特徴

- 臓器の実データから高精度で構成細胞種の存在量および遺伝子発現状態を機械学習により予測計算する手法を開発しました。（図1）
- 本開発手法では各細胞種でそれぞれが有する総RNA量の相違を考慮することで、精度の高い予測結果の算出を実現しました。（図2）
- 本手法により、心筋梗塞モデルの心臓データから得た細胞単位のデータは既知の病態と一致しており、様々な病態での解析に役立つ可能性が示されました。（図3）

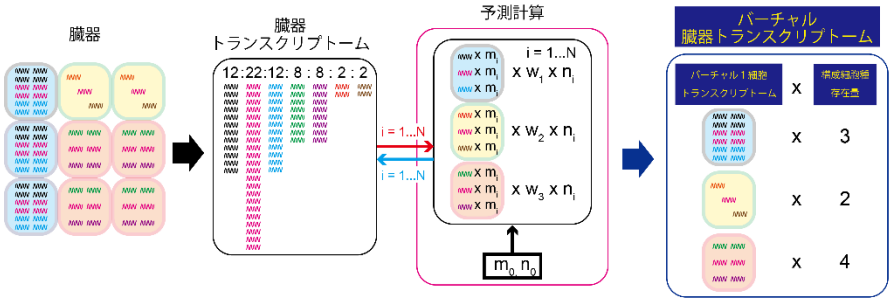
今後の展開

- 細胞単位での解析を実際に実施することなく、計算機上で解析できるようになりました。結果、既存の膨大な臓器データや貴重なヒト組織のデータを細胞単位で解析ができるようになり、新たな生命現象の原理の解明などに繋がる可能性があります。

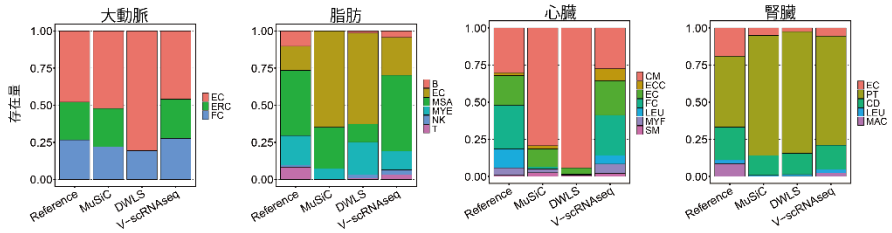
対コロナへの関連

- 新型コロナウイルスが感染した臓器のトランスクリプトームデータから細胞単位のデータを予測計算して解析することで、新型コロナウイルス感染時の更なる病態の詳細の解明に役立つ可能性があります。

1. バーチャル1細胞トランスクリプトーム概要

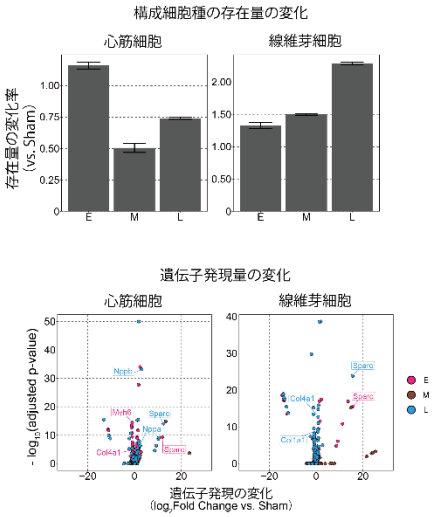


2. 様々な臓器でのバーチャル1細胞トランスクリプトーム（構成細胞種の存在量比較）



注釈：
Reference: 実データでの構成細胞種の存在量 / MuSiC: 構成細胞種の存在量を予測する既存の手法
DWLS: 構成細胞種の存在量を予測する既存の手法 / V-scRNAseq: 本研究で開発した手法

3. 病態モデルへの適用（心筋梗塞モデル）



注釈：
E：心筋梗塞発症の初期、 M：心筋梗塞発症の中期、 L：心筋梗塞発症の後期

連絡先：佐藤匠徳特別研究所　担当　手島健吾　E-Mail: ktejima@atr.jp

本研究は、公益財団法人　中谷医工計測技術振興財団の研究助成により推進しています。