

細胞の成長の軌跡をとらえる

<p>どんな研究</p>	<p>生物の細胞は分化を繰り返すことで様々な臓器・器官へと成長を遂げます。各細胞がどのような分化過程を経て成長していくかは、生命科学における重要かつ普遍的な問いです。私たちはその仮説の設計や検定を支援する技術を確立し、その分化メカニズムの解明に迫ろうとしています。</p>
<p>どこが凄い</p>	<p>大規模で複雑な細胞成長軌跡のデータから、解釈可能な形で確からしい細胞分化構造を見出すことは容易ではありません。本技術は、分化構造の視覚的な仮説設計とその確からしさへの検定を補助するAIを介して、生命科学研究者がAIと対話的に分化構造仮説を発見することを支援します。</p>
<p>めざす未来</p>	<p>生物の細胞の分化メカニズムに対するより深い洞察が生まれれば、様々な先天的・環境的因子を持った細胞分化現象を誘導できるようになるかもしれません。先天性疾患の原因や指定難病に対する投薬効果を調べることで、再生医療や人工臓器技術の発展への貢献をめざしていきます。</p>

細胞分化構造推論

細胞分化とは、各細胞が生体の特定の役割を果たす形状・機能をもつように発達すること。

目標：細胞分化メカニズムの理解とその解明
応用：再生医療・病態解析・遺伝子治療・人工臓器

細胞分化構造推論の標準的方法とその難しさ

- 標準的な分化構造推論への戦略：高次元の遺伝子パターン特徴を持つ遺伝子発現量データに対して、特徴次元削減手法による低次元可視化を行い、その可視化表現を専門家が解釈。
- 難しさ1：局所的な分化に寄与する遺伝子パターンが未知
細胞の局所的な分化にはそれぞれ特定の遺伝子が強く寄与すると考えられている。しかしその遺伝子寄与仮説を検証するためにはそもそも分化構造が必要となってしまう。
- 難しさ2：可視化表現への妥当性の判断規準が未整備
一般に可視化技術は、データ圧縮の際に分化構造の重要な手がかりとなる手がかりを排除してしまうリスクや、元データにはなかった誤解を発生させてしまうリスクを伴う。

同一の遺伝子発現量データに対する3種類の別々の可視化の例
 データ元：Han+, Single cell transcriptomics identifies a signaling network coordinating endoderm and mesoderm diversification during foregut organogenesis, Nature Communications 2020.

提案：対話的分化推論

データ x 人 x 機械学習 AI の相互の協調による細胞分化構造推論。

機械学習AIによる支援

- 役割1：局所的な分化に寄与する遺伝子の逆推定
- 役割2：仮説検定による可視化表現の妥当性評価

細胞分化構造仮説

AIによる細胞の分化軌跡の推論

展示デモンストレーションにてこの編集過程をお示しします。

関連文献

[1] M. Nakano, H. Sakuma, R. Nishikimi, K. Komiya, T. Iwata, K. Kashino, "HyperbolicPHATE: Visualizing Continuous Hierarchy of Latent Differentiation Structures," *IEEE International Conference on Acoustics, Speech and Signal Processing (ICASSP)*, 2025.

連絡先

中野 允裕 (Masahiro Nakano) メディア情報研究部 生体情報処理研究グループ