

(様式 1-1)

提出日：2025 年 月 日

2024 年度 大阪大学蛋白質研究所 拠点事業

## 研究成果報告書

(1) 事業名（下記より該当事業名を選択し、ほかは削除してください。）

共同研究員

(2) 研究代表者

氏名：木村 周平

所属機関名・部局名・職名：鳥取大学・工学部・教授

(3) 研究課題名（申請時に記載したものと同一課題名を記入してください。）

scRNA-seq データを利用可能な遺伝子ネットワーク同定法の開発

(4) 蛋白質研究所受入担当教員

教員名：岡田 眞里子（研究室名：細胞システム）

(5) 研究成果の概要

\*背景および目的、方法と結果について、公開して差し支えない範囲で記載。

細胞は、その遺伝子が mRNA やタンパク質を通じて互いに制御しあうことで、生命機能を維持している。しかし現在のところ、どの遺伝子がどの遺伝子を制御しているかに関しては、あまり良くわかっていない。遺伝子ネットワーク同定とは、RNA-seq といった生化学実験技術によって得られた複数遺伝子の発現データから、それらの遺伝子間の制御関係を推定することである。遺伝子ネットワークを同定することが出来れば、例えばがんをはじめとする遺伝子の病気に対する薬剤の標的遺伝子を見つけることなどが容易になると考えられている。その有用性から、遺伝子ネットワーク同定技術には注目が集まっている。これまでに多くの遺伝子ネットワーク同定法が開発されてきた。しかし従来手法の殆どは、細胞集団の平均的な遺伝子発現データ（バルクセルデータ）を対象としたものである。それに対して近年、一細胞ごとの遺伝子発現データ（シングルセルデータ）が計測可能になってきている。シングルセルデータは一般に大きなノイズが含まれているため、従来のバルクセルデータ解析用の遺伝子ネットワーク同定法をそのまま利用しても有用な情報を得ることは困難と考えられる。他方、シングルセルデータを利用して遺伝子ネットワークを同定する方法も開発されてきているが、申請者の知る限り不自然な仮定を暗黙のうちに導入しており、常に妥当な結果が出ているとは言い難い。本研究では定常状態で計測されたシングルセルデータ、並びにシングルセルデータに疑似時間解析を適用した疑似時系列データを利用して、前述のような不自然な仮定を設けることの無い、新たな遺伝子ネットワーク同定法を開発することを目的とした。疑似時系列データを用いて遺伝子ネットワークを同定する手法については、手法の開発はほぼ終了し、実データの解析を行った。その成果は学術誌論文を投稿準備中である。また上記とは別に新たなアイデアに基づく遺伝子ネットワーク同定法を開発中である。こちらに関して国際会議論文を現在投稿中である。