

(様式 1-1)

提出日：2026 年 5 月 8 日

2025 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：細胞システム研究室)

(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のかに関しては、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。本研究ではシングルセルデータから遺伝子ネットワーク同定を可能とする手法の開発を目的とする。

シングルセルデータから擬似時系列データを生成し、生成した擬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、既存の手法よりも高性能な手法を開発した。その成果に関して論文を公表した。また前述の手法に加えて、新たに *velocity* のアイデアを利用してシングルセルデータから遺伝子ネットワークを同定する方法についても開発した。その成果については国際会議にて公表済みであるとともに、その論文は国際会議のプロシーディングスに掲載予定である。