

## 遺伝子モジュールに基づく細胞間類似度算出法の開発

小櫻裕司<sup>†1</sup> 藤渕航<sup>†1</sup>

**概要** : 一細胞レベルでの生命現象の解析が可能となり、細胞種の分類や特定の条件下にある細胞で機能しているメカニズムの理解が進んだ。そして、一細胞解析を行う上で一細胞から得られた情報（トランスクリプトーム、メチロームなど）に基づいて細胞をクラスタリングすることが解析の基礎となる。近年、主成分分析や tSNE などの次元削減法や Affinity propagation clustering などのクラスタリング法をもとに細胞種の分類解析が行われてきた。用いられている多くの手法は情報学的な分類手法であり、生物学的な関係性や特徴が考慮されておらず、分類する段階においては実際の生物学的な類似度を推定した解析でない。細胞分類に続く解析でより良い結果を得るためにも、生物学的な性質を取り入れた新たな細胞分類手法を創出することは課題である。私たちは遺伝子間の生物学的な関係性を推定し、モジュール性を取り入れたクラスタリング手法を開発している。本研究のクラスタリング手法のパフォーマンスを評価するため、マウスの 18 種類の組織から取得した一細胞トランスクリプトームのデータセットを用いた。一組織当たり、1,000 細胞以上のトランスクリプトームデータがあり、組織間の細胞種の比較解析を行った。従来の手法との比較の結果、従来の手法とは異なる情報を含むクラスタリング結果を得られ、今後は組織内の細胞種の分類について取り組む。

**キーワード** : 遺伝子モジュール、次元削減法、一細胞解析

<sup>†1</sup> 京都大学 iPS 細胞研究所