

テンソル分解に基づく 1クラスの示差的発現解析による 26の肺腺癌細胞株からの複数のオミックスデータの統合解析への適用

田口 善弘^{1,a)}

概要: 通常、正常対照細胞株は存在しないため、癌細胞株は、治療条件と無処置条件との比較においてのみ検査することができる。したがって、癌細胞株自体の特徴付けは不可能である。この問題に対処するために、最近提案された主成分分析ベースの拡張されたテンソル分解 (TD) に基づく教師無しと特徴抽出 (FE) を使用して、参照なしでサンプルを評価することができる 1クラス差分式教師無し学習による特徴抽出を提案する。この 1クラスの DE 分析を、26 の肺腺癌細胞株のマルチオミックスデータセットに適用した。選択された遺伝子のエンリッチメント解析は、シグナル認識粒子およびナンセンス媒介性崩壊 (Reactome、遺伝子オントロジー [GO] 生物学的プロセス)、カドヘリン、ポリ (A) RNA 結合 (GO 分子機能)、真核生物翻訳開始因子 (Reactome)、異常ヒストンタンパク質発現 (Reactome and Human Protein Atlas [HPA])、および E2F、PAX5、ARNT、AHR、および CREB を含む 163 の転写因子を含み、これらはすべて非小細胞肺癌に関連することが知られており、肺腺癌発癌において協力的に機能することが期待される。これらのデータは、TD ベースの教師なし FE を用いた 1クラスの DE 分析の有用性を示すだけでなく、肺腺癌における新たな治療標的を指す^{a)}。

^{a)} 本研究は国際会議録として出版済みである [1]

One-class Differential Expression Analysis using Tensor Decomposition-based Unsupervised Feature Extraction Applied to Integrated Analysis of Multiple Omics Data from 26 Lung Adenocarcinoma Cell Lines

Y-H. TAGUCHI^{1,a)}

Abstract: Because usually there are no normal control cell lines, cancer cell lines can be examined only in a comparison between treatment and no-treatment conditions. Thus, characterization of cancer cell lines by themselves is impossible. To address this problem, one-class differential expression (DE) analysis, which can evaluate samples without a reference, is proposed here using tensor decomposition (TD)-based unsupervised feature extraction (FE) extended from recently proposed principal component analysis-based unsupervised FE. This one-class DE analysis was applied to multi-omics datasets of 26 lung adenocarcinoma cell lines. Enrichment analysis of selected genes identified multiple biological terms or concepts including signal recognition particles and nonsense-mediated decay (Reactome, Gene Ontology [GO] biological process), cadherin, poly(A) RNA binding (GO molecular function), eukaryotic translation initiation factors (Reactome), aberrant histone protein expression (Reactome and Human Protein Atlas [HPA]), and 163 transcription factors including E2F, PAX5, ARNT, AHR, and CREB, all of which are known to be related to non-small cell lung cancer and are expected to function cooperatively in lung adenocarcinoma oncogenesis. These data not only indicate usefulness of one-class DE analysis using TD-based unsupervised FE but also point to new therapeutic targets in lung adenocarcinoma.

参考文献

- [1] Y. h. Taguchi, "One-class Differential Expression Analysis using Tensor Decomposition-based Unsupervised Feature Extraction Applied to Integrated Analysis of Multiple Omics Data from 26 Lung Adenocarcinoma Cell Lines," 2017 IEEE 17th International Conference on Bioinformatics and Bioengineering (BIBE), Washington, DC, 2017, pp. 131-138. doi: 10.1109/BIBE.2017.00-66

¹ 中央大学工学部物理学科
東京都, 112-8551, 日本

a) tag@granular.com