

ディープラーニング手法を用いた一細胞レベルエンハンサー検出法の開発

大阪大学 蛋白質研究所 氏名：村上 賢

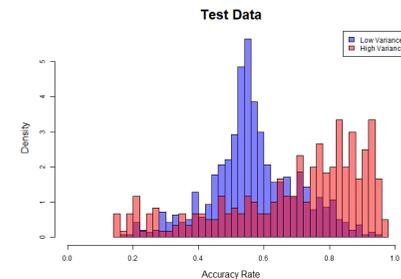
目的：組織は多種多様な細胞が環境に応答し、それぞれ異なる遺伝子発現を示すことによって機能している。そのためにはエンハンサーとよばれる遺伝子発現の制御領域が細胞ごとに異なる活動を示す必要がある。しかし現在の手法ではエンハンサー領域を一細胞レベルで同定することは不可能である。そこで深層学習手法とシングルセルデータから一細胞レベルでエンハンサー領域を決定する手法を開発する。

内容：まず遺伝子近傍のシングルセルATAC-seqデータから遺伝子発現を予測するニューラルネットワークを構築する。その後、予測結果に大きく影響を与えるATACピーク領域を解析し、エンハンサーとして決定する。

結果：遺伝子発現をATAC-seqデータから予測しやすい遺伝子と予測しにくい遺伝子が存在し、予測しやすい遺伝子は細胞種特異的な機能をもち、しにくい遺伝子はハウスキーピング遺伝子が多いことがわかった。エンハンサーの決定能を公開データを用いて検証したところ既存の手法より高いF1スコアを示した。

利用した計算機 : SQUID GPUノード群
ノード時間 : 2100時間
使用メモリ : 500GB
並列化 : なし

検証データにおける予測精度のヒストグラム



赤：予測可能遺伝子
青：予測困難遺伝子