

空間トランスクリプトームデータ統合法の開発

大阪大学 大学院医学系研究科 加藤 有己

目的 空間座標における遺伝子発現情報を計測する空間トランスクリプトーム (ST) 解析が可能となった。がんと正常組織といった互いに関連のある組織のSTデータを比較することで、細胞の組織内分布の違い等を考察できるが、データを統合する技術は発展途上であると言える。

内容 各STデータを多重ビューグラフとして表現し、複数データの統合をグラフ埋め込みと最適輸送により実現した。

結果 2つのSTデータ間で対応する層構造を検出し、複雑な組織内分布を捉えることに成功した。

利用した計算機 SQUID 汎用CPUノード群
ノード時間 72 時間