

# グラフ機械学習を用いた空間オミクス解析法の開発

大阪大学 大学院医学系研究科 加藤有己

**目的** 空間座標を保持したまま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。これは画像情報も含まれる。複数モダリティのデータを統合する技術は発展途上であるため、マルチオミクスデータを統合して解析する手法を開発する。

**内容** グラフニューラルネットワークを用いてSTデータにおける細胞の埋め込みを学習する。

**結果** 遺伝子発現量と画像情報を用いてグラフを構成し、グラフニューラルネットワークにより対照学習を行った。1サンプル空間クラスタリングの精度は既存手法と比べて同等以上を達成した。

|         |                 |
|---------|-----------------|
| 利用した計算機 | SQUID 汎用CPUノード群 |
| ノード時間   | 168 時間          |
| 使用メモリ   | 172 GB          |