

単一細胞（シングルセル）遺伝子発現データのノイズ削減法

ライセンス契約を受けていただき 本発明の実用化を目指していただける企業様を求めます。

シングルセル遺伝子発現データから観測ノイズを削減して、
シングルセルの真の構造を捉えることができます。

◆背景

シングルセル遺伝子発現解析（scRNA-seq）では、その解析手順における様々なエラーが原因で、実際の細胞の発現量とデータの発現量に大きな誤差（観測ノイズ）が発生します。また、データの次元を表す遺伝子数は数万～数十万となり、そのデータ解析の過程でノイズが蓄積することによって正しい計算結果が得られない“次元の呪い”と呼ばれる数学的問題が発生します。この次元の呪いは現在広く利用されているデータ解析手法の解析結果に悪影響を及ぼします。これまでこのような問題に着目されておらず、データが持つシングルセルレベルの情報を正しく活用できていませんでした。

◆ 発明概要と利点

発明者らは、統計理論を用いてシングルセル遺伝子発現データから観測ノイズのみを削減する新しい手法を発明しました。本手法により、従来のデータ解析手法の解析結果が改善され、シングルセルの真の構造を獲得することができます（図1）。

➤ 全てのデータ解析手法の前処理として利用可能

データを直接修正するため、データ構造（遺伝子数、細胞数）が変わりません。そのため、全てのデータ解析手法の前処理として利用できます。

➤ パラメータ不要

パラメータが不要なので、パラメータ選択に依存せずに本手法を利用することが可能です。

➤ 過去のデータにも利用可能

実験プラットフォームやバージョンには依存しない手法であるため、最新のデータだけでなく、過去のデータにも利用可能です。

➤ 多種多様なデータに適応

シングルセル遺伝子発現データに限らず、気象データや材料データなどの観測ノイズを含むデータにも利用可能です。

◆研究段階

UMI count と Read count のシングルセル遺伝子発現データに適用し、希少細胞種や未知の分化構造が発見されることを確認済み。

◆適応分野

- ・ シングルセル遺伝子発現データ解析
- ・ 高次元データ解析
(気象、天体、材料、分子、画像、音声などあらゆる計測・統計データ類)

◆希望の連携形態

- ・ 実施許諾契約
 - ・ オプション契約
(技術検討のためのF/S)
- ※本発明は京都大学から特許出願中です。

◆お問い合わせ先

京都大学産学連携担当
株式会社TLO京都

〒606-8501
京都市左京区吉田本町
京都大学国際科学イノベーション棟3F
(075)753-9150
licensing_ku@tlo-kyoto.co.jp

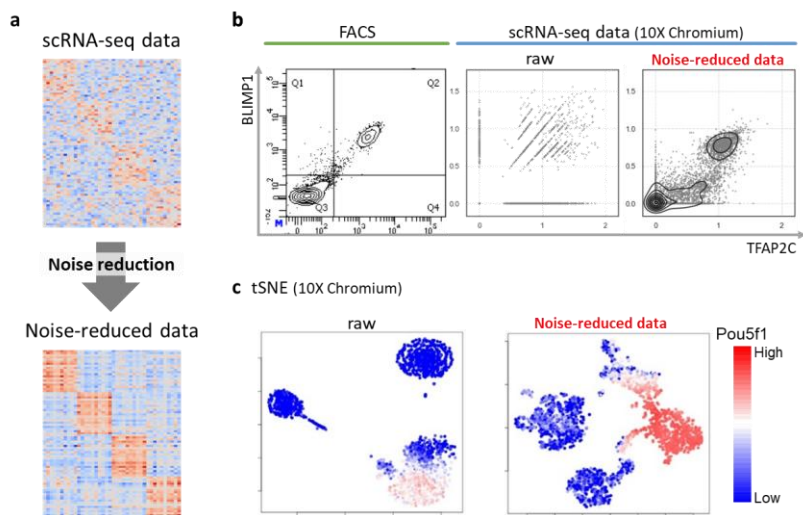


図1. ノイズ削減法の概略図(a)と検証結果(b,c). FACSの分布との比較(b)とtSNEによる低次元化(c)の検証により、ノイズ削減で真の細胞の発現情報とノイズに埋もれていた構造が復元できていることを確認。