

がん微小環境における細胞間相互作用のモデリング

名古屋大学大学院 医学系研究科 島村 徹平

名古屋大学大学院 医学系研究科 阿部 興

近年、細胞集団を、生命を構成する究極の単位である一細胞レベルで単離し、細胞個々のゲノム、トランスクリプトーム、プロテオームなどの分子情報を測定する一細胞測定技術の進歩が著しい。これにより、従来の「集団の平均的なプロファイルに基づくがんの多様性解析」からシフトし、「がんを形成する微小環境も含めた一細胞レベルでのがんの多様性解析」への期待が高まっている。しかし、データ量がこれまで以上に膨大かつ複雑になることから、がんの複雑系システムを一細胞レベルから俯瞰し、数理的・統計的モデリングを通じて、メカニズム解明に繋げるデータ解析手法が求められている。

本研究では、がんという疾患を、「ゲノムを変えながら環境変化へ適応し周囲の微小環境を巻き込みながら、絶えず進化し続ける細胞集団」として捉えた上で、一細胞計測技術により得られる膨大かつヘテロな一細胞オミクスデータから、「自己」と「非自己」の合間で免疫系細胞とがん細胞とが生み出すがんの生態系（エコシステム）、すなわち、がん免疫複雑系を俯瞰的視野から理解するための統計的モデリング手法について報告する。特に、免疫系が発がんからがん進展に関わる過程において、細胞間でのようなシグナルのやり取りを行っているのかを調べるために、一細胞転写プロファイルから、細胞群間の相互作用（コミュニケーション）を推定する統計解析手法について紹介する。