

令和7年度 共同研究報告書

研究区分		一般共同研究		
研究課題名		トランスオミクス解析手法を用いた 神経-免疫連環制御手法の探索		
新規・継続の別		新規・ <u>継続</u>		
研究代表者	所属	東京科学大学 総合研究院 難治疾患研究所 計算システム生物学分野	35歳 以下○	40歳 以下○
	職名・氏名	教授・島村 徹平		
研究分担者 (適宜行を追加し て下さい)	所属		/	/
	職名・氏名			
	所属		/	/
	職名・氏名			
受け入れ教員	職名・氏名	教授・村上 正晃		
概要 (100～150 字程度)		<p>神経系と免疫系の相互作用（神経-免疫連環）は、多くの神経変性疾患および神経炎症疾患の病態形成において重要な役割を果たすことが明らかになりつつあるが、その分子・細胞レベルでの機序には未解明な部分が多く残されている。本研究では、深層学習技術を応用したシングルセル RNA-seq データ解析および空間トランスクリプトームデータ解析の手法を開発することにより、神経-免疫連環を担う細胞集団の同定、ならびにそれらの細胞間シグナル伝達ネットワークの推定を行うことを目的とする。これにより、神経-免疫連環の統合的理解に資する計算生物学的基盤を構築し、関連疾患の病態解明と治療標的探索に貢献することを目指す。</p>		
研究目的 (300 字程度)		<p>神経系と免疫系の相互作用（神経-免疫連環）は、多くの神経変性疾患・神経炎症疾患の病態において重要な役割を果たすが、その分子・細胞レベルの機序は未解明な部分が多い。本研究では、深層学習技術を用いたシングルセル RNA-seq データ解析・空間トランスクリプトームデータ解析により、神経-免疫連環を担う細胞集団の同定と、その細胞間シグナル伝達ネットワークの推定を行うことを目的とした。</p>		
研究内容・成果 (1000 字程度・Web 会議の回数も記載)		<p>シングルセル RNA-seq データおよび空間トランスクリプトームデータを用いた神経-免疫連環機構の解析に向けた計算生物学的手法の開発と検証を行った。</p>		

	<p>本年度は、シングルセル RNA-seq データから患者の病態転帰に関連する細胞集団を同定する深層生成モデル scSurv を開発し、<i>Bioinformatics</i> 誌に発表した (Mizukoshi et al., 2026)。scSurv は事前の細胞型アノテーションを必要とせずに、神経系・免疫系の細胞データから病態関連プログラムを抽出することができ、神経-免疫連環を担う細胞集団の同定に応用可能である。</p> <p>また、空間トランスクリプトームデータにおける組織の時系列的な連続ダイナミクスを捉える深層生成フレームワーク STODE (Majima et al., bioRxiv 2025) を開発した。STODE により、神経組織・免疫浸潤細胞の空間的分布変化と遺伝子発現ダイナミクスを連続的にモデル化することが可能となり、神経-免疫連環の空間解析基盤として活用できる。さらに、時系列・条件依存の生存ハザードモデル scTREND (Mizukoshi et al., bioRxiv 2026) を開発し、疾患進行に伴う神経-免疫細胞の動態変化の解析ツールとして整備した。</p> <p>村上先生グループとの連携のもと、次年度以降は実際の神経-免疫連環データへのこれらの手法の適用と、連環メカニズムの解明を推進する。</p>
成果	<p>【学会報告】 参加者名、講演タイトル、学会名、開催場所、開催日時入力のこと</p> <hr/> <p>【論文発表】 著者、論文名、掲載誌名、号・年・ページ等、IF 入力のこと</p> <p>1. Mizukoshi C, Kojima Y, Hayashi S, Abe K, Kasugai D, **Shimamura T**. scSurv: a deep generative model for single-cell survival analysis. <i>*Bioinformatics.*</i> 2026 Jan 2;42(1):btaf671. doi: 10.1093/bioinformatics/btaf671. PMID: 41429574. (IF: 5.4)</p> <p>2. **Shimamura T**. RNA velocity and beyond: Current advances in modeling single-cell transcriptional dynamics. <i>*Allergol Int.*</i> 2025 Oct;74(4):525-533. doi: 10.1016/j.alit.2025.08.005. PMID: 40973591. (IF: 6.2)</p> <p>3. Majima K, Kojima Y, **Shimamura T**. STODE: A Deep Generative Framework for Continuous Spatiotemporal Dynamics in Spatial</p>

	<p>Transcriptomics. *bioRxiv.* 2025 Nov 24. doi: 10.1101/2025.11.24.690134. (IF: 該当なし ※プレプリント)</p> <p>4. Mizukoshi C, Kojima Y, Hayashi S, Abe K, Kasugai D, **Shimamura T**. scTREND: An annotation-free single-cell time-resolved and condition-dependent hazard model. *bioRxiv.* 2026 Jan 29. doi: 10.64898/2026.01.26.701686. (IF: 該当なし ※プレプリント)</p>
	<p>【新聞報道】</p>
	<p>【学位取得者】</p> <p>学部名・学年（または職位）・氏名を入力のこと</p>