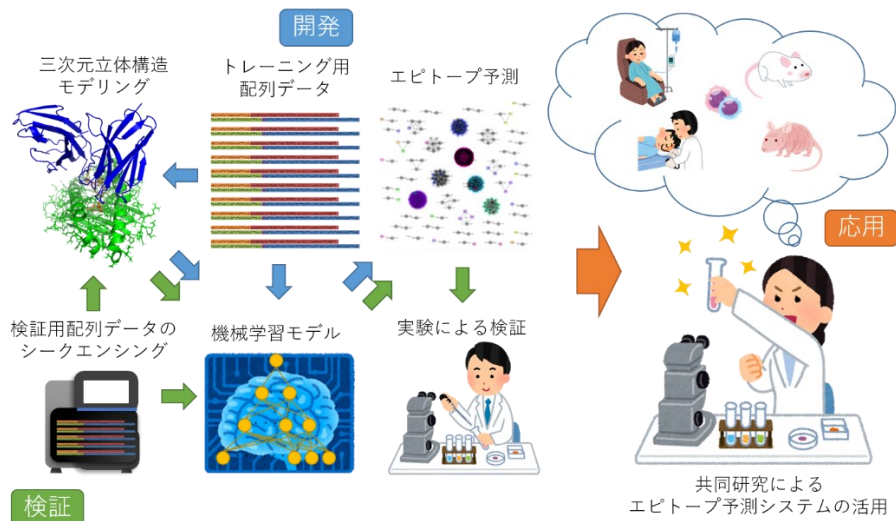


データサイエンス	【代表的な研究テーマ】 □ システムダイナミクスに基づくデータ解析手法の研究
key word	課題解決に役立つシーズの説明
■ 理論物理学 ■ 機械学習、深層学習 ■ バイオインフォマティクス ■ 免疫学	私の元々のバックグラウンドは物質世界のダイナミクスをその根幹部分から理解することを目指す物理学分野です。現在も、システムのダイナミクス自体を理解することに大きな興味を持っています。うまくシステムのダイナミクスを取り入れたモデルを構築することができれば、汎用的なモデルよりも高精度な推定を行うことが可能になり、同時にシステム自体をより深く理解することができるようになります。 ■ 1分子計測データからの拡散係数の推定 細胞膜表面の受容体タンパク質分子を1分子ごとに蛍光でラベルし特殊な顕微鏡で撮影することで、生細胞上の1分子レベルのリアルタイム情報を得ることが可能になってきました。ここでの問題点は、ダイナミクスを解析するために必要な分子のトラッキングの際、分子同士を混同してしまうエラーが避けられず、解析結果にバイアスを生んでしまうことでした。私達は、誤謬のないトラッキングを目指すという発想を変え、拡散運動の数理モデルに基づき、トラッキングが正しい確率と別の分子がたまたまそこにあってトラッキングが間違っ確率の両方を同時に考慮することで直接知りたいダイナミクスのパラメータを推定するという新しい手法を考案しました。これにより、1分子の密度に依らず拡散係数を精密に推定することが可能になりました。
	■ 1分子計測データからの拡散係数の推定 細胞膜表面の受容体タンパク質分子を1分子ごとに蛍光でラベルし特殊な顕微鏡で撮影することで、生細胞上の1分子レベルのリアルタイム情報を得ることが可能になってきました。ここでの問題点は、ダイナミクスを解析するために必要な分子のトラッキングの際、分子同士を混同してしまうエラーが避けられず、解析結果にバイアスを生んでしまうことでした。私達は、誤謬のないトラッキングを目指すという発想を変え、拡散運動の数理モデルに基づき、トラッキングが正しい確率と別の分子がたまたまそこにあってトラッキングが間違っ確率の両方を同時に考慮することで直接知りたいダイナミクスのパラメータを推定するという新しい手法を考案しました。これにより、1分子の密度に依らず拡散係数を精密に推定することが可能になりました。
寺口 俊介 Shunsuke Teraguchi	■ 免疫受容体の抗原予測システムの開発と1細胞シーケンシング解析 獲得免疫系の細胞は、各細胞ごとに異なる受容体分子を発現しており、それぞれが異なる病原体(抗原)を認識します。これらの情報を読み解くことができれば、血液から個人の健康に関わる現在、過去、未来の情報を一気に手に入れることができるはずです。そのために避けて通れないのが、免疫受容体の配列情報から、認識抗原を予測する問題です。私たちは、遺伝子配列情報からタンパク質の立体構造モデルを予測する技術と機械学習の手法を組み合わせることで、新規の抗原に対する抗原予測を可能にする技術の開発を進めています。また、機械学習においては、質のよい学習データを集めることが欠かせません。そのため、研究室外の共同研究者とともに、最先端の一細胞シーケンサーを用いた実験を立ち上げ、in house での学習データ取得も進めています。また、最近では、COVID-19 患者から得られた免疫受容体のデータに対してこれらの技術を応用することで、SARS-CoV-2 を標的とする抗体の検出を目指した研究も進めています。
データサイエンス学部 教授	獲得免疫系の細胞は、各細胞ごとに異なる受容体分子を発現しており、それぞれが異なる病原体(抗原)を認識します。これらの情報を読み解くことができれば、血液から個人の健康に関わる現在、過去、未来の情報を一気に手に入れることができるはずです。そのために避けて通れないのが、免疫受容体の配列情報から、認識抗原を予測する問題です。私たちは、遺伝子配列情報からタンパク質の立体構造モデルを予測する技術と機械学習の手法を組み合わせることで、新規の抗原に対する抗原予測を可能にする技術の開発を進めています。また、機械学習においては、質のよい学習データを集めることが欠かせません。そのため、研究室外の共同研究者とともに、最先端の一細胞シーケンサーを用いた実験を立ち上げ、in house での学習データ取得も進めています。また、最近では、COVID-19 患者から得られた免疫受容体のデータに対してこれらの技術を応用することで、SARS-CoV-2 を標的とする抗体の検出を目指した研究も進めています。
【プロフィール】 ・1999 年 京都大学 理学部卒 ・2004 年 京都大学 大学院理学研究科 博士課程修了 ・2004 年 台湾 国立台湾大学 ポスドク研究員 ・2006 年 台湾 中央研究院 ポスドク研究員 ・2007 年 名古屋大学 大学院理学研究科 特任助教 ・2010 年 大阪大学 免疫学フロンティア研究センター 特任研究員 ・2013 年 同 特任助教 ・2016 年 東北大学 東北メディカル・メガバンク機構 助教 ・2018 年 大阪大学 免疫学フロンティア研究センター 特任准教授 ・2021 年 滋賀大学 データサイエンス学部 准教授 【主な社会的活動】 ・日本物理学会 ・素粒子論グループ 【参考論文】 ・S. Teraguchi and Y. Kumagai, "Estimation of diffusion constants from single molecular measurement without explicit tracking," BMC Syst. Biol., vol. 12, 2018. ・S. Teraguchi et al. "Methods for sequence and structural analysis of B and T cell receptor repertoires," Computational and Structural Biotechnology Journal, vol. 18, 2020	 共同研究による エピトープ予測システムの活用
	企業・自治体へのメッセージ 私はこれまで物理学分野、免疫学分野、遺伝学分野など、異なる分野の現場において研究活動を行っており、企業との共同研究や、公的研究機関での業務にも携わってきました。上記の例は生命科学分野での研究例ですが、これらに限らず様々な分野で研究活動を行っていきたく考えています。