

News Release



令和8年10月2日

各報道機関文教担当記者 様

細胞レベルの情報を保ったまま、異なる組織データを自動で位置合わせ 空間トランスクリプトミクスの比較を支える新手法を開発

金沢大学理工研究域生命理工学系の広瀬 修准教授と、ローマ・ラ・サピエンツァ大学コンピュータ科学科の Emanuele Rodolà 教授の共同研究グループは、空間トランスクリプトミクスで得られる複雑な組織データを、細胞レベルの情報を保ったまま位置合わせする新手法「Domain Elastic Transform (DET)」を開発しました。

空間トランスクリプトミクス（※1）では、各細胞が「どこにあり、どの遺伝子が働いているか」を同時に測定できます。しかし、切り方や個体差によって、組織切片の形や向きが異なるため、異なる試料をそのまま比較すると、形状の違いと遺伝子発現の違いが混在し、対応する場所同士を正しく評価することが困難でした。

DET は、位置合わせ（※2）をコンピューター上で行う手法です。これは、対象となる組織を、細胞の位置情報と遺伝子発現情報を手掛かりとして、組織全体を滑らかに変形して対応する場所を重ね合わせます。これにより、細胞レベルの空間情報を保ちながら、異なる試料を共通の「地図」の上で比較できます。

マウス脳の MERFISH（※3）データを人工的に大きく回転・移動させた 90 ケースで評価した結果、DET は比較した手法の中で、組織の重なり、近くにある細胞同士の関係の保存、遺伝子発現分布の一致という 3 つの評価指標で最も高い値を示しました。さらに、10 万点を超える Stereo-seq（※4）によるマウス胚データにも適用し、発生に伴って組織形態が大きく変化する大規模データに対しても有効であることを確認しました。

本手法により、複数の組織データを共通の座標上にそろえることで、組織に共通する構造と、発生や疾患、個体差による変化を見分けやすくできます。本成果は、生命科学データの比較・統合を支える基盤技術としての活用が期待されます。

本研究成果は、2026 年 9 月 15 日に IEEE の国際学術誌『IEEE Transactions on Pattern Analysis and Machine Intelligence (TPAMI)』にオンライン掲載されました。

【研究の背景】

近年、空間トランスクリプトミクスの発展により、組織の中で各細胞や測定点はどこにあり、どの遺伝子が働いているかを同時に詳しく調べられるようになりました。得られるデータでは、細胞や測定点の位置が多数の点として表され、それぞれの点に対応する遺伝子発現情報が記録されます。

しかし、同じ組織を測定しても、切り方や個体差によって、組織切片の形や向き、細胞の位置は少しずつ異なります。そのまま比較すると、形状の違いと遺伝子発現などが混ざってしまい、対応する場所同士を正しく評価することが難しくなります。複数の試料を共通の座標上で比べられるようになれば、組織に共通する構造と、発生や疾患、個体差による変化を区別して解析しやすくなります。

こうした課題を解決するため、複数の組織データの位置を揃える「位置合わせ（アライメント）」技術が開発されてきました。既存の方法には、点データを画像に変換して重ね合わせる方法や、点の形を主に使う方法、細胞同士の対応関係を求める方法などがあります。しかし、細胞レベルの情報を保ったまま、組織全体の変形を推定して位置合わせを行うことは容易ではありませんでした。

そこで本研究グループは、細胞や測定点の位置情報と遺伝子発現情報を同時に利用し、組織間の位置合わせを行う新手法 DET を開発しました。

【研究成果の概要】

DET では、遺伝子発現の値そのものを変換させるのではなく、細胞や測定点が存在する空間だけをゴムのように滑らかに変形させることで位置合わせを行います。

DET は、各点の位置情報と遺伝子発現情報の両方を使って、どの場所同士が対応するかと、組織をどのように変形すればよいかを同時に推定します。これにより、画像化による情報の損失を避けながら、組織の形と遺伝子発現情報の両方を使って比較が可能になります。また、大量の正解データによる事前学習を必要としないため、十分な学習データを用意しにくい科学データにも適用できます。

空間トランスクリプトミクスのデータは、各細胞や測定点の位置に、多数の遺伝子発現情報が付いたものです。DET では、このようなデータを空間上の点に情報が付いた関数として扱います（図 1）。図 1 はこの考え方を単純化した模式図で、実際には多数存在する遺伝子情報を、分かりやすく 1 つの値（高さ）で表しています。DET は、位置情報と遺伝子情報の両方を使って「どの点同士が対応しそうか」を確率的に推定し、近くの点がばらばらに動かないよう、組織全体が滑らかにつながって変形するように各点の移動を推定します。この「対応付け」と「変形」の更新を交互に繰り返すことで、位置合わせの精度を徐々に改善させます。

性能評価では、マウス脳の MERFISH データを人工的に 0~360 度回転させ、大きく移動させた 90 ケースを用いて検証しました（図 2）。その結果、DET は比較した手法の中で、組織の重なり、近くにある点同士の関係の保存、遺伝子発現分布の一致という 3 つの評価で最も高い値を示しました。さらに、10 万点を超える Stereo-seq によるマウス胚データにも適用しました（図 3）。その結果、発生に伴って組織の形が大きく変わる

大規模データに対しても、組織全体の変形を推定できることを確認しました。

【今後の展開】

本研究により、空間トランスクリプトミクスのデータを、細胞レベルの位置情報を保ちながら比較・統合する基盤技術としての活用が期待されます。異なる個体や発生段階の組織を共通の座標上に位置合わせすることで、「どこが共通し、どこが変化したのか」をより正確に解析できるようになります。これにより、発生過程における組織形成の仕組みや疾患に伴う組織変化の理解につながることを期待されます。

今後は、発生段階や実験条件の違いによって遺伝子の働き自体が大きく変化する場
合への対応を強化するとともに、より多くの試料やさらに大規模なデータを共通の座
標上で比較・統合できるよう研究を進めます。

本研究の一部は、JST 創発的研究支援事業「高速・高精度な関数位置合わせアルゴリズムの開発」(JPMJFR242V) の支援を受けて実施されました。

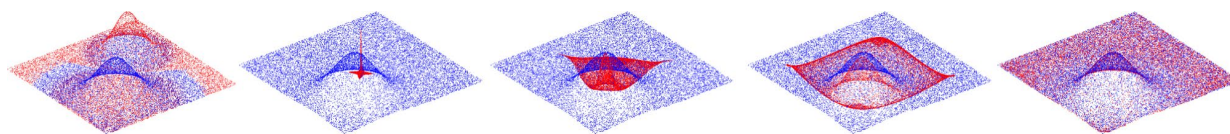


図 1. DET の基本的な考え方

空間トランスクリプトミクスでは、各細胞や測定点の位置に多数の遺伝子発現情報が付随します。DET は、このようなデータを「空間上の点に情報が付いた関数」として扱います。本図はその考え方を一般化した模式図で、実際には多数ある遺伝子情報を、説明のため 1 つの値（高さ）に単純化して示しています。青が基準となるデータ、赤が位置合わせするデータです。右に進むにつれて、位置と付随情報を手掛かりに赤いデータが滑らかに変形し、青いデータへ重なっていく様子を示します。

© O. Hirose and E. Rodolà (2026) *IEEE Trans. Pattern Anal. Mach. Intell.* CC BY 4.0 (論文 Fig. 4 より引用)

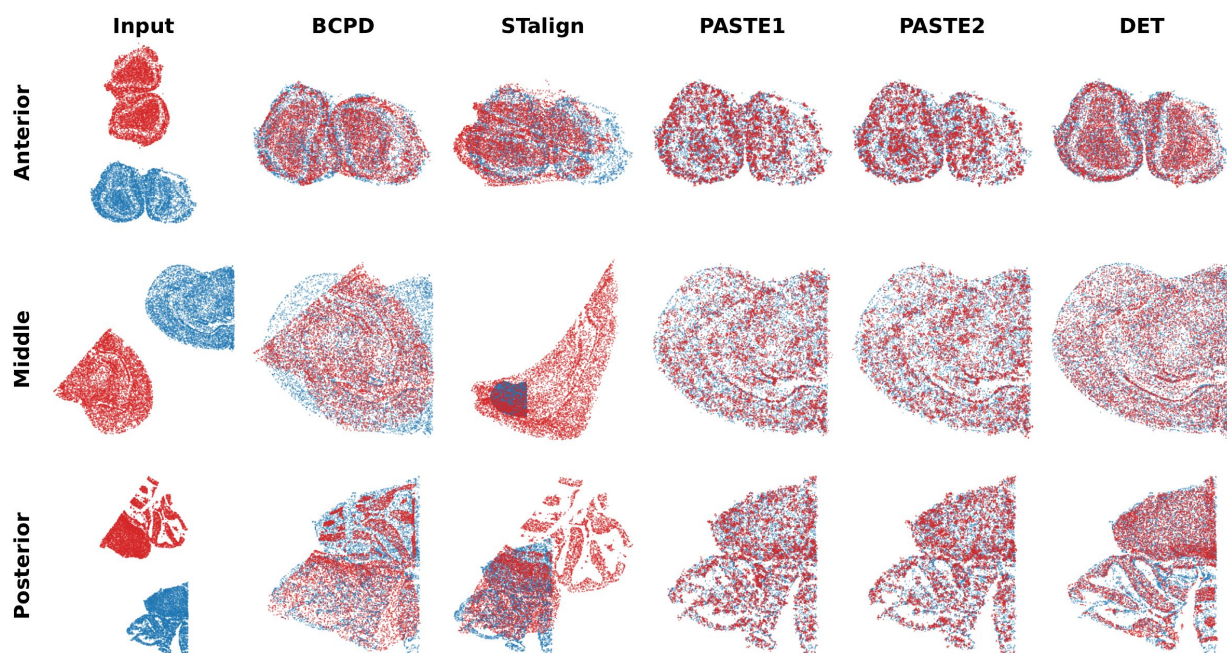


図 2 マウス脳 MERFISH データの位置合わせ例

各行は脳の前方・中央・後方の代表例です。左端は位置合わせ前の 2 つの切片（赤・青）、右側は各手法による位置合わせ後の重ね合わせを示します。赤と青が重なる様子から、各手法で組織の位置がどのようにそろったかを視覚的に確認できます。右端が DET の結果です。© O. Hirose and E. Rodolà (2026) *IEEE Trans. Pattern Anal. Mach. Intell.* CC BY 4.0（論文 Fig. 5 より引用）

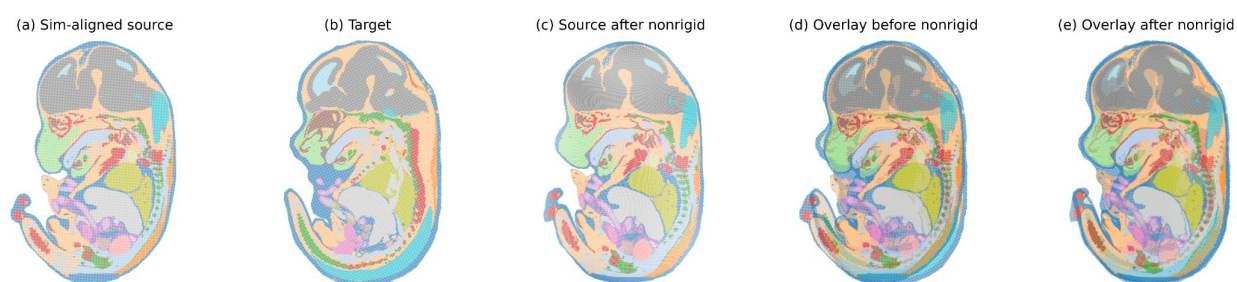


図 3 発生段階の異なるマウス胚の位置合わせ例胎生 14.5 日のマウス胚を胎生 15.5 日のマウス胚に重ね合わせた例です。左から、全体の向きをそろえた入力、位置合わせ先、DET による局所的な変形後、変形前の重ね合わせ、変形後の重ね合わせを示します。右端では、DET による滑らかな変形が重ね合わせに与える効果を示しています。色は解剖学的な領域を表します。© O. Hirose and E. Rodolà (2026) *IEEE Trans. Pattern Anal. Mach. Intell.* CC BY 4.0（論文 Fig. 7 より引用）

【掲載論文】

雑誌名 : *IEEE Transactions on Pattern Analysis and Machine Intelligence* (TPAMI)

論文名 : Domain Elastic Transform: Bayesian Function Registration for High-Dimensional Scientific Data (定義域弾性変換: 高次元科学データのためのベイズ的関数位置合わせ)

著者名 : Osamu Hirose (広瀬 修), Emanuele Rodolà

掲載日時 : 2026 年 9 月 15 日にオンライン版に掲載

DOI : 10.1109/TPAMI.2026.3733393

URL : <https://www.computer.org/csdl/journal/tp/5555/01/11692358/2jNDMvwi9UY>
<https://ieeexplore.ieee.org/document/11692358>

【用語解説】

※1 空間トランスクリプトミクス

組織の中のどこに細胞や測定点があり、それぞれの場所でどの遺伝子がどれだけ働いているかを同時に調べる技術。データでは、細胞や測定点の位置を「点」として表し、それぞれの点に多数の遺伝子情報が付いています。

※2 位置合わせ

異なる時点や標本から得たデータを、対応する構造が重なるように共通の座標系へ変換する処理。

※3 MERFISH

多数の RNA 分子を画像上で識別し、細胞レベルの空間的な遺伝子発現を測定する方法の一つ。

※4 Stereo-seq

広い組織領域の遺伝子発現を高い空間解像度で計測できる空間トランスクリプトミクス技術の一つ。

【本件に関するお問い合わせ先】

■研究内容に関すること

金沢大学理工研究域生命理工学系 准教授

広瀬 修（ひろせ おさむ）

TEL : 076-234-4839

E-mail : hirose@se.kanazawa-u.ac.jp

■広報担当

金沢大学理工系事務部総務課総務係

割出 智美（わりだし ともみ）

TEL : 076-234-6957

E-mail : s-somu@adm.kanazawa-u.ac.jp