

CABIN コンテンツ：ゲノムデータの可視化

谷川 智洋, 西村邦祐, 阿部浩二, 堤修一, 油谷浩幸, 広田光一, 廣瀬通孝

東京大学先端科学技術研究センター

目的: ゲノムサイエンスの分野において、遺伝子発現量情報を用いて治療や診断用の薬開発の標的となる遺伝子の候補を見つけることが可能となってきた。パーチャルリアリティの技術を膨大な情報処理をする必要のあるゲノムサイエンス分野に応用することで、ゲノムサイエンスにおけるデータ解析などに貢献できるのではないかと仮定のもとに、筆者らはゲノム情報の可視化技術の研究を進めている。

方法: 網羅的な計測が可能な遺伝子発現量情報やその他のゲノム情報を用いることで、約 3~4 万個の遺伝子の中から診断や治療に使える遺伝子の候補を選択し、その候補に対して抗体を作成し、ゲノム創薬に結び付けていくことが可能である。そのため、全遺伝子の中から薬の開発の標的となりうる遺伝子を選択するためのシステムが要請されている。本研究では、ゲノム創薬のために遺伝子発現量情報から遺伝子を絞り込んで選択していく作業に、道路のメタファーを提案する。ゲノムサイエンスの研究者に必要な情報を提示しながら、インタラクティブにパラメータ設定を行うことのできる作業空間を、広視野角かつ 3 次元立体視という特徴をもつ没入型多面ディスプレイ CABIN を利用して構築し、その評価を行って有効性を確認する。

まず、閾値選択により選択された遺伝子についてわかりやすく発現量を可視化する必要がある。従来の遺伝子発現量情報を可視化する手法として、縦軸に遺伝子、横軸に組織検体を取り、碁盤状にセルを作り、2 次元マトリックス上に発現量情報を色で表現する手法が主にとられる。本研究では、2 次元マトリックス上に色で発現量情報を表示するだけでなく、3 次元上に発現量情報を色と高さ按比例させて表現することを試みた。さらに、直方体の底面積の大きさを発現量情報に比例または反比例 (図 1) させることを試みた。

次に、遺伝子選択をするため作業空間構築を行った。ゲノムデータの可視化は作業過程がいくつかの手順に分かれいくつかの選択肢がある。作業過程において、分岐を選択していくのは言わば道路を進んでいるようなものである。そのため、作業過程を道路のメタファーで可視化し、ユーザがウォークスルーしながら分岐を選択している仕組みが有効であると考えた。筆者らはこの考えを道路のメタファーと呼ぶ。この考え方は、特に没入型多面ディスプレイを利用した作業空間内での操作に慣れていないゲノムサイエンスの研究者に、直観的な操作と作業過程のわかりやすいナビゲーションを提供すると考えられる。

結果: 上述の道路のメタファーに基づいて没入型多面ディスプレイ CABIN を利用して作業空間を構築した (図 2)。メッシュが作業過程を表し、ユーザの目の前にメニューを表示することができる。解析過程は、遺伝子発現量の 2 種類の閾値設定をし、その 2 種類の閾値条件を AND にするか OR にするか設定し、最後に、選択された遺伝子の予測条件の表示を見る (図 3)。変更したい場合は、あとに戻ることで閾値の再設定を行う。解析過程を道路で表し、道路上に閾値設定のバーを配置し、発現量生データによる閾値の条件設定と肺癌細胞検体に対する正常細胞検体の比率による閾値の条件設定の AND か OR かという設定を、道路を分岐することによって表現した。

操作は 3 次元位置センサ付きのジョイスティック・コントローラを利用した。ジョイスティックを利用してウォークスルーを行うことで、直観的な操作を可能にした。遺伝子発現量の閾値設定は操作バーを道上に表示して、その操作バーをコントローラで操作することにより閾値設定を行う (図 4)。閾値を変更すると、その閾値条件にあった遺伝子についてリアルタイムで発現量マトリックスや遺伝子の細胞内局在情報の予測結果を表示する。また、設定した閾

値のバーが道上に作業履歴として残るため、道を戻って、閾値を再度変更することでより適切な遺伝子を選択することができる。また、最後に選択した遺伝子に対して、11の細胞内局在化所それぞれについて予測される遺伝子の割合を棒グラフで表示した(図5)。このことにより選択した遺伝子群の細胞内局在傾向を知ることができる。

ゲノムサイエンスの研究者に診断や治療の標的となる遺伝子を選択することに本システムを利用してもらい、主観評価を行った。本システムと同じ機能をPC上のGUIを利用して実装し、医師3名を含む5名の被験者から、本システムとPCそれぞれの操作性および両者の比較を5段階の主観評価を行った。その結果、作業効率はPCの方が高いが、わかりやすさでは本システムが優れていた。GUIではWindowが重なってしまうなどの問題が指摘されたが、本システムにおいては広視野角を利用して情報の提示をしているために重なりの問題を回避できる。

結論: 本研究では、約3万~4万個の遺伝子の中から薬の標的候補となる遺伝子を発見するために、遺伝子発現量に閾値条件を設定し、適切な遺伝子をインタラクティブに選択していくことを可能にし、その過程をワークスルーできる作業空間として没入型多面ディスプレイを利用して可視化する手法を提案した。また、ゲノムサイエンスの研究者にとって、3次元仮想空間内で道路をメタファーにした作業過程ナビゲーションや閾値設定はわかりやすいことを主観評価により示せた。

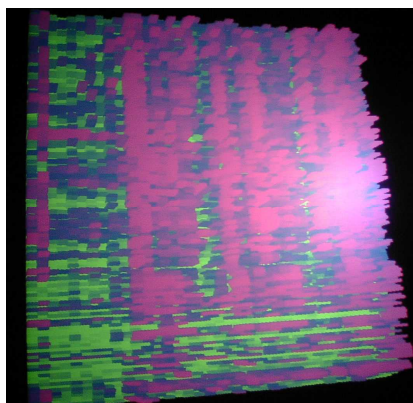


図.1 遺伝子発現量の3次元可視化

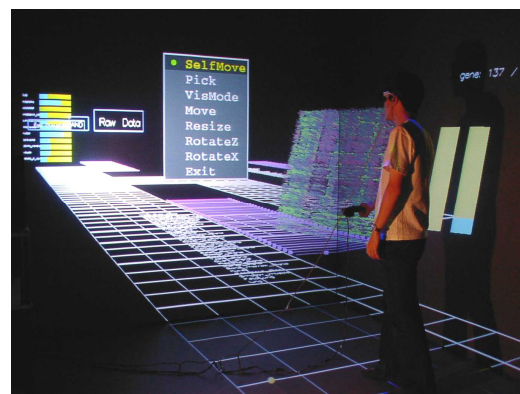


図.2 CABIN内で可視化した作業空間

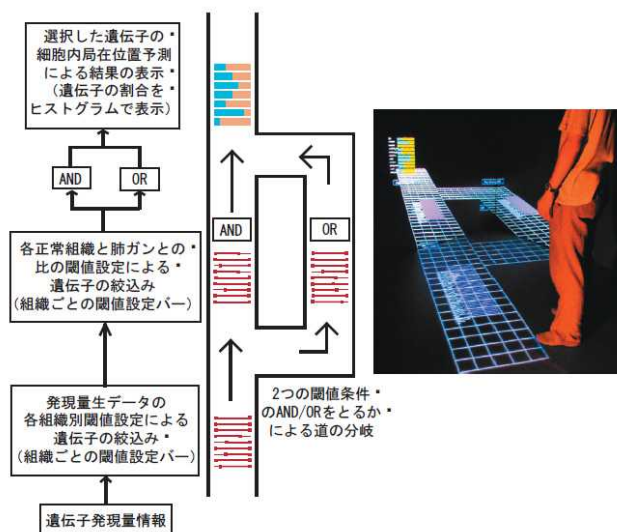


図.3 解析作業の流れと作業空間鳥瞰図

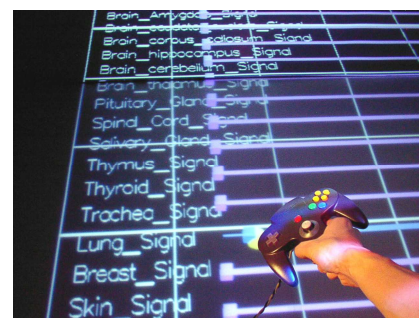


図.4 閾値操作と操作デバイス

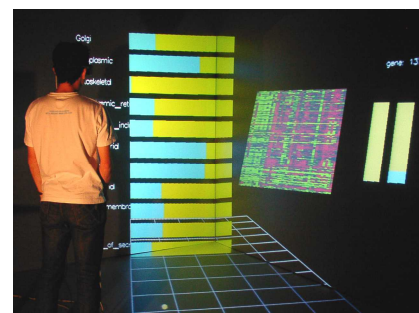


図.5 細胞内局在情報予測結果の表示