

【公報種別】特許法第17条の2の規定による補正の掲載
 【部門区分】第6部門第3区分
 【発行日】令和4年7月6日(2022.7.6)

【国際公開番号】WO2020/004575
 【出願番号】特願2020-527651(P2020-527651)

【国際特許分類】

G 1 6 B 40/00(2019.01)

G 0 1 N 33/48(2006.01)

G 0 1 N 33/50(2006.01)

C 1 2 Q 1/68(2018.01)

10

【F I】

G 1 6 B 40/00

G 0 1 N 33/48 M

G 0 1 N 33/48 Z

G 0 1 N 33/50 P

C 1 2 Q 1/68

【手続補正書】

【提出日】令和4年6月27日(2022.6.27)

20

【手続補正1】

【補正対象書類名】特許請求の範囲

【補正対象項目名】全文

【補正方法】変更

【補正の内容】

【特許請求の範囲】

【請求項1】

細胞群の遺伝子の発現量に関するデータが入力されると、前記細胞群に含まれる所定の種類の細胞の混合度合いに関する情報を出力するように機械学習モデルを学習するステップを含み、

30

前記学習するステップは、各種類の細胞における遺伝子の発現量に関するデータと仮想の混合度合いとに基づいて生成された仮想の遺伝子発現量を含む学習用データセットを用いて、前記機械学習モデルを学習する、学習方法。

【請求項2】

前記仮想の遺伝子発現量は、前記仮想の混合度合いと、個々の細胞の前記遺伝子の発現量に関するデータとの積により算出された値である、

請求項1に記載の学習方法。

【請求項3】

前記仮想の混合度合いは、乱数を用いて決定された値である、

40

請求項1又は2に記載の学習方法。

【請求項4】

前記仮想の遺伝子発現量は、前記仮想の混合度合いに対して所定のノイズを掛けるとともに正規化して得られた新たな仮想の混合度合いと、個々の細胞の前記遺伝子の発現量に関するデータとを用いて求められた値である、

請求項1乃至3のいずれか1に記載の学習方法。

【請求項5】

前記仮想の遺伝子発現量を前記機械学習モデルに入力することで出力される出力データと、前記仮想の混合度合いとの誤差を用いて、前記機械学習モデルを学習する、

請求項1乃至4のいずれか1に記載の学習方法。

50

【請求項 6】

前記機械学習モデルは、ニューラルネットワークである、
請求項 1 乃至 5 のいずれか 1 に記載の学習方法。

【請求項 7】

前記混合度合いに関する情報は、少なくとも前記所定の種類の細胞の比率又は割合のいずれかに関する情報である、
請求項 1 乃至 6 のいずれか 1 に記載の学習方法。

【請求項 8】

前記細胞群はバルク細胞である、
請求項 1 乃至 7 のいずれか 1 に記載の学習方法。

10

【請求項 9】

前記遺伝子の発現量に関するデータは、少なくとも既存のデータセット又は RNA - Seq 解析のいずれかを用いて測定されたデータである、
請求項 1 乃至 8 のいずれか 1 に記載の学習方法。

【請求項 10】

請求項 1 乃至 9 のいずれか 1 に記載の学習方法を用いて、機械学習モデルを生成する、
モデル生成方法。

【請求項 11】

少なくとも 1 台のコンピュータに、請求項 1 乃至 9 のいずれか 1 の学習方法を実行させる、
学習プログラム。

20

【請求項 12】

細胞群の遺伝子の発現量に関するデータを取得するステップと、
前記細胞群に含まれる所定の種類の細胞の混合度合いに関する情報を出力するように予め学習された機械学習モデルに前記発現量に関するデータを入力して、前記混合度合いに関する情報を予測するステップと、を含む予測方法。

【請求項 13】

前記機械学習モデルは、ニューラルネットワークである、
請求項 12 に記載の予測方法。

【請求項 14】

前記混合度合いに関する情報は、少なくとも前記所定の種類の細胞の比率又は割合のいずれかに関する情報である、
請求項 12 又は 13 に記載の予測方法。

30

【請求項 15】

前記細胞群はバルク細胞である、
請求項 12 乃至 14 のいずれか 1 に記載の予測方法。

【請求項 16】

前記発現量に関するデータは、少なくとも DNA マイクロアレイによる解析又は RNA - Seq 解析のいずれかを用いて測定されたデータである、
請求項 12 乃至 15 のいずれか 1 に記載の予測方法。

40

【請求項 17】

前記機械学習モデルが、請求項 1 乃至 9 のいずれか 1 に記載の学習方法で学習されたものである、
請求項 12 乃至 16 のいずれか 1 に記載の予測方法。
予測方法。

【請求項 18】

細胞群の遺伝子の発現量に関するデータが入力されると、前記細胞群に含まれる所定の種類の細胞の混合度合いに関する情報を出力するように機械学習モデルを学習する学習部、
を備え、
前記学習部は、各種類の細胞における遺伝子の発現量に関するデータと仮定の混合度合い

50

とに基づいて生成された仮想の遺伝子発現量を含む学習用データセットを用いて、前記機械学習モデルを学習する、
学習装置。

【請求項 19】

前記混合度合いに関する情報は、少なくとも前記所定の種類の細胞の比率又は割合のいずれかに関する情報である、
請求項 18 記載の学習装置。

【請求項 20】

細胞群の遺伝子の発現量に関するデータを取得し、前記細胞群に含まれる所定の種類の細胞の混合度合いに関する情報を出力するように予め学習された機械学習モデルに前記発現量に関するデータを入力して、前記混合度合いに関する情報を予測する、予測部、を備える、
予測装置。

10

【請求項 21】

前記混合度合いに関する情報は、少なくとも前記所定の種類の細胞の比率又は割合のいずれかに関する情報である、
請求項 20 に記載の予測装置。

【請求項 22】

前記機械学習モデルが、請求項 18 又は 19 に記載の学習装置で学習されたものである、
請求項 20 又は 21 に記載の予測装置。

20

30

40

50