

令和 2 年 6 月 19 日現在

機関番号：32641

研究種目：基盤研究(C) (一般)

研究期間：2017～2019

課題番号：17K00417

研究課題名(和文) テンソル分解を用いた教師なし学習による変数選択のバイオインフォマティクスへの応用

研究課題名(英文) Tensor decomposition based unsupervised feature extraction applied to bioinformatics

研究代表者

田口 善弘 (Taguchi, Y-h.)

中央大学・理工学部・教授

研究者番号：30206932

交付決定額(研究期間全体)：(直接経費) 3,600,000円

研究成果の概要(和文)：この3年間では、「テンソル分解を用いた教師なし学習による変数選択法」を提案し、手法を提案する論文を書き、また、同手法について300頁超の英語の単著を世界的に有名な学術書の出版社であるシュプリンガー社から出版することができたのが最大の成果である。また、この研究内容について、台湾の國立交通大学統計学研究所の王秀瑛教授、同じく台湾の亜州大学の呉家樂教授、キング・アブドゥルアズィーズ大学のTurki Turki教授などと国際共同研究で多くの論文を刊行することができた。

研究成果の学術的意義や社会的意義

テンソル分解を用いた教師なし学習による変数選択法はインシリコ創薬、バイオマーカー探索、疾患原因遺伝子の探索などに広く使えることが3年間の研究で判明した。また、この方法について成書を英文で書いたことにより、この方法が世界的に広まって学術の進歩に多く貢献することが期待される。

研究成果の概要(英文)：In these three years, I have published the paper that proposed "Tensor decomposition based unsupervised feature extraction" and wrote a 300+ pages length monograph on the same topic from the world-known publisher, Springer. I can also successfully performed various international collaborations including those with Prof. Ka-Lok at Asia University, Taiwan, Prof. Wang at Institute of Statistics, National Chiao Tung University, Taiwan, and Prof. Turki Turki at King Abdulaziz University, Saudi Arabia.

研究分野：バイオインフォマティクス

キーワード：テンソル分解 教師なし学習 変数選択 遺伝子発現プロファイル マルチオミックス インシリコ創薬 バイオマーカー

科研費による研究は、研究者の自覚と責任において実施するものです。そのため、研究の実施や研究成果の公表等については、国の要請等に基づくものではなく、その研究成果に関する見解や責任は、研究者個人に帰属されます。

## 様式 C-19、F-19-1、Z-19 (共通)

### 1. 研究開始当初の背景

ゲノム科学のデータは変数が多く、サンプル数が少ない典型的な **large p small n** 問題のため、対応が難しかった。一方で、計測技術の発展により、遺伝子発現プロファイル、プロモーターメチル化、ヒストン修飾などのマルチオミクスデータが計測できるとなると同時に、一細胞 RNA-Seq にあるような一細胞計測も大きく進展し、大量のデータが提供される一方でこれらを統合的に研究する手段が強く望まれていた。

### 2. 研究の目的

本研究の目的は、**large p small n** 問題であるゲノム科学のデータを解析して遺伝子選択を行うことである。通常データサイエンスの場合と異なり、ゲノム科学では、具体的に選択された遺伝子の意味が大切である。この点、一般的な **large p small n** 問題に対する方法では次元を削減することはできても、少数個の変数をしかも安定的に選ぶことは困難であった。本研究の目的はテンソル分解を用いて、このような困難を解決し、創薬標的の遺伝子の選択、疾患原因遺伝子の選択、バイオマーカーの選択などを行う手法を開発することが目的である。

### 3. 研究の方法

本研究で用いられる方法は、「テンソル分解を用いた教師無し学習による変数選択法」と名付けられている。この方法ではまず、データが実験条件を添え字としたテンソルの形にフォーマットされる。具体的には  $i$  番目の遺伝子の  $j$  番目の患者の  $k$  番目の臓器の  $s$  番目のバイオロジカルレプリケイトの発現プロファイルが、 $x_{ijks} \in \mathbb{R}^{N \times M \times K \times S}$  という形式のテンソルで表現される。ここで  $N$  は遺伝子の総数、 $M$  は患者の人数、 $K$  は調べた臓器の種類数、 $S$  はレプリケイトの総数である。これにテンソル分解を適用すると

$$x_{ijks} = \sum_{l_1} \sum_{l_2} \sum_{l_3} \sum_{l_4} G(l_1 l_2 l_3 l_4) u_{1l_1j} u_{l_2k} u_{l_3s} u_{l_4i}$$

を得る。ここでは  $G(l_1 l_2 l_3 l_4) \in \mathbb{R}^{N \times M \times K \times S}$  コアテンソル、 $u_{1l_1j} \in \mathbb{R}^{M \times M}$ 、 $u_{l_2k} \in \mathbb{R}^{K \times K}$ 、 $u_{l_3s} \in \mathbb{R}^{S \times S}$ 、及び  $u_{l_4i} \in \mathbb{R}^{N \times N}$  はそれぞれ、患者、臓器、レプリケイト、および遺伝子に付与された特異値行列であり、全て直交行列である。まず、患者、臓器、レプリケイトに付与された特異値ベクトルを見て、希望のものを選ぶ（例えば、患者共通に変化している遺伝子に興味がある場合には、 $u_{1l_1j}$  に  $j$  依存性がない（定数）の  $l_1$  を選び、特定の臓器で発現していて欲しい遺伝子を得たい場合には、 $u_{l_2k}$  に目的とする  $k$  依存性がある  $l_2$  を選び、レプリケイトに差があって欲しくない場合は、 $u_{l_3s}$  に  $s$  依存性がない  $l_3$  を選ぶ）。次に、選択した  $l_1, l_2, l_3$  を用いて絶対値が大きな  $G(l_1 l_2 l_3 l_4)$  を選び、この  $l_4$  を用いて、 $u_{l_4i}$  を選び最後に

$$P_i = P_{\chi^2} [ > (u_{l_4i} / \sigma_{l_4})^2 ]$$

で遺伝子  $i$  に  $P$  値を付与、 $P$  値を多重比較補正したうえで  $0.01$  以下の  $P$  値を付与された遺伝子を選択する。

### 4. 研究成果

「テンソル分解を用いた教師無し学習による変数選択法」の原理を発表する論文を書くことができた。また、その内容を世界的な学術出版社であるシュプリンガー社から 300 頁超の英語の単著として公表することができ、世界全体に向けて提案手法の内容を公表することに成功した。この結果、台湾の國立交通大学統計研究所の王秀瑛教授、同じく台湾の亜州大学の呉家樂教授、キング・アブドゥルアズィーズ大学の Turki Turki 教授などを多くの国際共同研究を、インシリコ創薬、バイオマーカー探索、疾患原因遺伝子の推定などの分野で行うことができた。

具体的な成果は以下のとおりである。

- ※ DrugMatrix のデータを用いて、疾患の遺伝子発現プロファイルと比較することで、既知薬剤のリポジショニングを当該疾患のモデル生物や培養細胞に適用することなく行うことが「テンソル分解を用いた教師無し学習による変数選択法」で可能であることを実証した。
- ※ 26 種類の肺がんの培養細胞におけるマルチオミクスデータの解析に「テンソル分解を用いた教師無し学習による変数選択法」を用いることで、がん遺伝子を同定できることを示した。
- ※ LINCS のデータセットに「テンソル分解を用いた教師無し学習による変数選択法」を用いることで、がん細胞の培養細胞に薬剤候補化合物を投与した時の遺伝子発現プロファイルの変化から、有効な薬剤候補化合物をスクリーニングできることを示した。
- ※ 卵巣がんにおける microRNA とプロモーターメチル化の統合解析に「テンソル分解を用いた教師無し学習による変数選択法」を用いることで、卵巣がんと正所臓器で発現差があり、かつ、microRNA とプロモーターメチル化の間で有意に相関があるような microRNA とプロモーターメチル化の組を見つけることに成功した。

- ※ ヒトとマウスの中脳の発生過程の一細胞RNA-seq のデータの統合解析に「テンソル分解を用いた教師無し学習による変数選択法」を用いることでヒトとマウスの間での中脳発生過程で重要な共発現遺伝子の同定に成功した。
- ※ アリとハチという社会性昆虫のカースト（ワーカーと女王）の差について、遺伝子発現プロファイルとDNAのメチル化の統合解析に「テンソル分解を用いた教師無し学習による変数選択法」を用いることで、カーストの差をもたらす可能性がある遺伝子群の特定に成功した。
- ※ アルツハイマーマウスの老化過程の一細胞RNA-seq のデータの統合解析に「テンソル分解を用いた教師無し学習による変数選択法」を用いることで、アルツハイマー治療薬のスクリーニングが行えることを証明した。

## 5. 主な発表論文等

〔雑誌論文〕 計30件（うち査読付論文 30件/うち国際共著 11件/うちオープンアクセス 16件）

1. 著者名 Turki Turki, Taguchi Y-h.	4. 巻 118
2. 論文標題 SCGRNs: Novel supervised inference of single-cell gene regulatory networks of complex diseases	5. 発行年 2020年
3. 雑誌名 Computers in Biology and Medicine	6. 最初と最後の頁 103656 ~ 103656
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1016/j.combiomed.2020.103656	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスではない、又はオープンアクセスが困難	国際共著 該当する
1. 著者名 Taguchi Y-h., Wang Hsiuying	4. 巻 7
2. 論文標題 Exploring MicroRNA Biomarkers for Parkinson's Disease from mRNA Expression Profiles	5. 発行年 2018年
3. 雑誌名 Cells	6. 最初と最後の頁 245 ~ 245
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.3390/cells7120245	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスとしている (また、その予定である)	国際共著 該当する
1. 著者名 Taguchi Y.-h.	4. 巻 3
2. 論文標題 Regulation of Gene Expression	5. 発行年 2019年
3. 雑誌名 Encyclopedia of Bioinformatics and Computational Biology	6. 最初と最後の頁 806 ~ 813
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1016/b978-0-12-809633-8.20667-5	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスではない、又はオープンアクセスが困難	国際共著 -
1. 著者名 Taguchi Y.-h.	4. 巻 3
2. 論文標題 Comparative Transcriptomics Analysis	5. 発行年 2019年
3. 雑誌名 Encyclopedia of Bioinformatics and Computational Biology	6. 最初と最後の頁 814 ~ 818
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1016/b978-0-12-809633-8.20163-5	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスではない、又はオープンアクセスが困難	国際共著 -

1. 著者名 Taguchi Y-h.	4. 巻 1
2. 論文標題 Principal Component Analysis-Based Unsupervised Feature Extraction Applied to Single-Cell Gene Expression Analysis	5. 発行年 2018年
3. 雑誌名 Intelligent Computing Theories and Application	6. 最初と最後の頁 816 ~ 826
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1007/978-3-319-95933-7_90	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスではない、又はオープンアクセスが困難	国際共著 -

1. 著者名 Taguchi Y.-H.	4. 巻 7
2. 論文標題 Tensor Decomposition-Based Unsupervised Feature Extraction Can Identify the Universal Nature of Sequence-Nonspecific Off-Target Regulation of mRNA Mediated by MicroRNA Transfection	5. 発行年 2018年
3. 雑誌名 Cells	6. 最初と最後の頁 54 ~ 54
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.3390/cells7060054	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスとしている (また、その予定である)	国際共著 -

1. 著者名 Taguchi Y.-H., Wang Hsiuying	4. 巻 19
2. 論文標題 Exploring microRNA Biomarker for Amyotrophic Lateral Sclerosis	5. 発行年 2018年
3. 雑誌名 International Journal of Molecular Sciences	6. 最初と最後の頁 1318 ~ 1318
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.3390/ijms19051318	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスとしている (また、その予定である)	国際共著 該当する

1. 著者名 Ohta Tazro, Kawashima Takeshi, Shinozaki Natsuko O., Dobashi Akito, Hiraoka Satoshi, Hoshino Tatsuhiko, Kanno Keiichi, Kataoka Takafumi, Kawashima Shuichi, Matsui Motomu, Nemoto Wataru, Nishijima Suguru, Suganuma Natsuki, Suzuki Haruo, Taguchi Y-h., ... Sato Yukuto, Yamashita Riu, Arakawa Kazuharu, Iwasaki Wataru	4. 巻 131
2. 論文標題 Collaborative environmental DNA sampling from petal surfaces of flowering cherry <i>Cerasus? yedoensis</i> 'Somei-yoshino' across the Japanese archipelago	5. 発行年 2018年
3. 雑誌名 Journal of Plant Research	6. 最初と最後の頁 709 ~ 717
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1007/s10265-018-1017-x	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスではない、又はオープンアクセスが困難	国際共著 -

1. 著者名 Chiba Shuntaro, Ishida Takashi, Ikeda Kazuyoshi, Mochizuki Masahiro, Teramoto Reiji, Taguchi Y-h., Iwadate Mitsuo, Umeyama Hideaki, ... Akiyama Yutaka, Sekijima Masakazu	4. 巻 7
2. 論文標題 An iterative compound screening contest method for identifying target protein inhibitors using the tyrosine-protein kinase Yes	5. 発行年 2017年
3. 雑誌名 Scientific Reports	6. 最初と最後の頁 12038
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1038/s41598-017-10275-4	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスとしている (また、その予定である)	国際共著 -

1. 著者名 Uemura Risa, Murakami Yoshiki, Hashimoto Atsushi, Sawada Akinari, Otani Koji, Taira Koichi, Hosomi Shuhei, Nagami Yasuaki, Tanaka Fumio, Kamata Noriko, Yamagami Hirokazu, Tanigawa Tetsuya, Watanabe Toshio, Taguchi Y-h, Fujiwara Yasuhiro	4. 巻 18
2. 論文標題 Expression of Serum Exosomal and Esophageal MicroRNA in Rat Reflux Esophagitis	5. 発行年 2017年
3. 雑誌名 International Journal of Molecular Sciences	6. 最初と最後の頁 1611 ~ 1611
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.3390/ijms18081611	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスとしている (また、その予定である)	国際共著 -

1. 著者名 Taguchi Y-h.	4. 巻 1
2. 論文標題 Identification of Candidate Drugs for Heart Failure Using Tensor Decomposition-Based Unsupervised Feature Extraction Applied to Integrated Analysis of Gene Expression Between Heart Failure and DrugMatrix Datasets	5. 発行年 2017年
3. 雑誌名 Intelligent Computing Theories and Application	6. 最初と最後の頁 517 ~ 528
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1007/978-3-319-63312-1_45	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスではない、又はオープンアクセスが困難	国際共著 -

1. 著者名 Taguchi Y-h., Iwadate Mitsuo, Umeyama Hideaki, Murakami Yoshiki	4. 巻 1
2. 論文標題 Principal component analysis based unsupervised feature extraction applied to bioinformatics analysis	5. 発行年 2017年
3. 雑誌名 Computational Methods with Applications in Bioinformatics Analysis	6. 最初と最後の頁 153 ~ 182
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1142/9789813207981_0008	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスではない、又はオープンアクセスが困難	国際共著 -

1. 著者名 Akila Parvathy Dharshini S., Taguchi Y-h., Michael Gromiha M.	4. 巻 111
2. 論文標題 Exploring the selective vulnerability in Alzheimer disease using tissue specific variant analysis	5. 発行年 2019年
3. 雑誌名 Genomics	6. 最初と最後の頁 936 ~ 949
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1016/j.ygeno.2018.05.024	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスではない、又はオープンアクセスが困難	国際共著 該当する

1. 著者名 Turki Turki, Taguchi Y-h.	4. 巻 127
2. 論文標題 Machine learning algorithms for predicting drugs?tissues relationships	5. 発行年 2019年
3. 雑誌名 Expert Systems with Applications	6. 最初と最後の頁 167 ~ 186
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1016/j.eswa.2019.02.013	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスではない、又はオープンアクセスが困難	国際共著 該当する

1. 著者名 Taguchi Y-h.	4. 巻 1
2. 論文標題 Multiomics Data Analysis Using Tensor Decomposition Based Unsupervised Feature Extraction	5. 発行年 2019年
3. 雑誌名 Intelligent Computing Theories and Application	6. 最初と最後の頁 565 ~ 574
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1007/978-3-030-26763-6_54	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスではない、又はオープンアクセスが困難	国際共著 -

1. 著者名 Taguchi Y-h., Turki Turki	4. 巻 10
2. 論文標題 Tensor Decomposition-Based Unsupervised Feature Extraction Applied to Single-Cell Gene Expression Analysis	5. 発行年 2019年
3. 雑誌名 Frontiers in Genetics	6. 最初と最後の頁 864
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.3389/fgene.2019.00864	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスとしている (また、その予定である)	国際共著 該当する

1. 著者名 Kalbuaji Bharata, Taguchi Y-H., Konagaya Akihiko	4. 巻 19
2. 論文標題 Discovery of a Robust Gene Regulatory Network with a Complex Transcription Factor Network on Organ Cancer Cell-line RNA Sequence Data	5. 発行年 2019年
3. 雑誌名 Chem-Bio Informatics Journal	6. 最初と最後の頁 32 ~ 55
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1273/cbij.19.32	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスとしている (また、その予定である)	国際共著 -

1. 著者名 Taguchi Y-h.	4. 巻 1
2. 論文標題 Tensor Decomposition Based Unsupervised Feature Extraction Applied to Bioinformatics	5. 発行年 2019年
3. 雑誌名 Application of Omics, AI and Blockchain in Bioinformatics Research	6. 最初と最後の頁 159 ~ 187
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1142/9789811203589_0010	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスではない、又はオープンアクセスが困難	国際共著 -

1. 著者名 Dharshini S. Akila Parvathy, Taguchi Y.-h., Gromiha M. Michael	4. 巻 9
2. 論文標題 Investigating the energy crisis in Alzheimer disease using transcriptome study	5. 発行年 2019年
3. 雑誌名 Scientific Reports	6. 最初と最後の頁 18509
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1038/s41598-019-54782-y	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスとしている (また、その予定である)	国際共著 該当する

1. 著者名 Taguchi Y-h., Turki Turki	4. 巻 25
2. 論文標題 Neurological Disorder Drug Discovery from Gene Expression with Tensor Decomposition	5. 発行年 2020年
3. 雑誌名 Current Pharmaceutical Design	6. 最初と最後の頁 4589 ~ 4599
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.2174/1381612825666191210160906	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスとしている (また、その予定である)	国際共著 該当する



1. 著者名 Dharshini S. Akila Parvathy, Taguchi Y.-H., Gromiha M. Michael	4. 巻 112
2. 論文標題 Identifying suitable tools for variant detection and differential gene expression using RNA-seq data	5. 発行年 2020年
3. 雑誌名 Genomics	6. 最初と最後の頁 2166 ~ 2172
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1016/j.ygeno.2019.12.011	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスではない、又はオープンアクセスが困難	国際共著 該当する

1. 著者名 Hayakawa Michiyo, Umeyama Hideaki, Iwadate Mitsuo, Taguchi Y.-H., Yano Yoshihiko, Honda Takashi, Itami-Matsumoto Saori, Kozuka Ritsuzo, Enomoto Masaru, Tamori Akihiro, Kawada Norifumi, Murakami Yoshiki	4. 巻 10
2. 論文標題 Development of a novel anti-hepatitis B virus agent via Sp1	5. 発行年 2020年
3. 雑誌名 Scientific Reports	6. 最初と最後の頁 47
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1038/s41598-019-56842-9	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスとしている (また、その予定である)	国際共著 -

1. 著者名 Taguchi Y.-H.	4. 巻 19
2. 論文標題 Tensor decomposition-based and principal-component-analysis-based unsupervised feature extraction applied to the gene expression and methylation profiles in the brains of social insects with multiple castes	5. 発行年 2018年
3. 雑誌名 BMC Bioinformatics	6. 最初と最後の頁 99
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1186/s12859-018-2068-7	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスとしている (また、その予定である)	国際共著 -

1. 著者名 Taguchi Y-h.	4. 巻 19
2. 論文標題 Drug candidate identification based on gene expression of treated cells using tensor decomposition-based unsupervised feature extraction for large-scale data	5. 発行年 2019年
3. 雑誌名 BMC Bioinformatics	6. 最初と最後の頁 338
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1186/s12859-018-2395-8	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスとしている (また、その予定である)	国際共著 -

1. 著者名 Taguchi Y-h., Ng Ka-Lok	4. 巻 1
2. 論文標題 Tensor Decomposition-Based Unsupervised Feature Extraction for Integrated Analysis of TCGA Data on MicroRNA Expression and Promoter Methylation of Genes in Ovarian Cancer	5. 発行年 2018年
3. 雑誌名 IEEE BIBE2018	6. 最初と最後の頁 1
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1109/BIBE.2018.00045	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスではない、又はオープンアクセスが困難	国際共著 該当する

1. 著者名 Taguchi Y-h.	4. 巻 12
2. 論文標題 Tensor decomposition-based unsupervised feature extraction applied to matrix products for multi-view data processing	5. 発行年 2017年
3. 雑誌名 PLOS ONE	6. 最初と最後の頁 e0183933
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1371/journal.pone.0183933	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスとしている (また、その予定である)	国際共著 -

1. 著者名 Taguchi Y-h., Wang Hsiuying	4. 巻 8
2. 論文標題 Genetic Association between Amyotrophic Lateral Sclerosis and Cancer	5. 発行年 2017年
3. 雑誌名 Genes	6. 最初と最後の頁 243 ~ 243
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.3390/genes8100243	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスとしている (また、その予定である)	国際共著 該当する

1. 著者名 Taguchi Y-h.	4. 巻 1
2. 論文標題 One-class Differential Expression Analysis using Tensor Decomposition-based Unsupervised Feature Extraction Applied to Integrated Analysis of Multiple Omics Data from 26 Lung Adenocarcinoma Cell Lines	5. 発行年 2017年
3. 雑誌名 BIBE2017	6. 最初と最後の頁 1-12
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1109/bibe.2017.00-66	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスではない、又はオープンアクセスが困難	国際共著 -

1. 著者名 Taguchi Y.-h.	4. 巻 7
2. 論文標題 Identification of candidate drugs using tensor-decomposition-based unsupervised feature extraction in integrated analysis of gene expression between diseases and DrugMatrix datasets	5. 発行年 2017年
3. 雑誌名 Scientific Reports	6. 最初と最後の頁 13733
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1038/s41598-017-13003-0	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスとしている (また、その予定である)	国際共著 -

1. 著者名 Taguchi Y.-H.	4. 巻 10
2. 論文標題 Tensor decomposition-based unsupervised feature extraction identifies candidate genes that induce post-traumatic stress disorder-mediated heart diseases	5. 発行年 2017年
3. 雑誌名 BMC Medical Genomics	6. 最初と最後の頁 67
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1186/s12920-017-0302-1	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスとしている (また、その予定である)	国際共著 -

〔学会発表〕 計37件 (うち招待講演 4件 / うち国際学会 9件)

1. 発表者名 田口善弘
2. 発表標題 テンソル分解を用いた教師なし学習による変数選択法のマルチビューデータ解析への応用
3. 学会等名 情報処理学会第54回B10研究発表会
4. 発表年 2018年

1. 発表者名 田口善弘
2. 発表標題 疾患とDrugMatrixデータセットとの間の遺伝子発現の統合解析におけるテンソル分解を用いた教師無し学習による変数選択を用いた候補薬剤の同定
3. 学会等名 情報処理学会第55回B10研究発表会
4. 発表年 2018年

1. 発表者名 田口善弘
2. 発表標題 テンソル分解を用いた教師無し学習による変数選択のバイオインフォマティクスへの応用
3. 学会等名 IBIS2018
4. 発表年 2018年

1. 発表者名 田口 善弘 , 王 秀瑛
2. 発表標題 筋萎縮性側索硬化症のためのマイクロRNAバイオマーカーの探索
3. 学会等名 情報処理学会第56回BIO研究発表会
4. 発表年 2018年

1. 発表者名 田口善弘
2. 発表標題 主成分分析を用いた教師無し学習による変数選択の一細胞RNA-seqへの応用
3. 学会等名 情報処理学会第57回BIO研究発表会
4. 発表年 2019年

1. 発表者名 田口善弘
2. 発表標題 テンソル分解と主成分分解を用いた教師なし学習による社会性昆虫のカーズの脳の遺伝子発現プロファイルとDNAメチル化の解析
3. 学会等名 情報処理学会第58回BIO研究発表会
4. 発表年 2019年

1. 発表者名 田口善弘
2. 発表標題 テンソル分解に基づく教師なし学習による変数選択はMicroRNAトランスフェクションにより仲介されるmRNAの配列非特異的オフターゲット調節の普遍的性質を同定することができる
3. 学会等名 情報処理学会第59回BIO研究発表会
4. 発表年 2019年

1. 発表者名 田口善弘, 呉 家樂
2. 発表標題 テンソル分解を用いた教師なし学習による変数選択法のTCGAデータベースにおける卵巣がんデータのmicroRNA発現プロファイルとメチル化プロファイルへの適用
3. 学会等名 情報処理学会第60回BIO研究発表会
4. 発表年 2019年

1. 発表者名 田口善弘
2. 発表標題 バイオインフォマティクスと倫理・社会
3. 学会等名 技術と社会・倫理研究会 (SITE) (招待講演)
4. 発表年 2019年

1. 発表者名 田口善弘
2. 発表標題 テンソル分解を用いた教師無し学習による変数選択法の一細胞RNA-seq解析への応用
3. 学会等名 情報論的学習理論と機械学習研究会 (IBISML)
4. 発表年 2020年

1. 発表者名 早川 路代 , 梅山 秀明 , 岩館 満雄 , 田口 善弘 , 村上 善基
2. 発表標題 Sp1を標的としたHBVウイルスの新規阻害剤の探索
3. 学会等名 情報処理学会第61回BIO研究発表会
4. 発表年 2020年

1. 発表者名 Y-h. Taguchi
2. 発表標題 Application of tensor decomposition based unsupervised feature extraction to multi- omics data set
3. 学会等名 BioInfOMICS2019 (招待講演) (国際学会)
4. 発表年 2019年

1. 発表者名 Y-h. Taguchi
2. 発表標題 Tensor decomposition based unsupervised feature extraction applied to bioinformatics
3. 学会等名 PreMed'19 (招待講演) (国際学会)
4. 発表年 2019年

1. 発表者名 田口善弘
2. 発表標題 テンソル分解を用いた教師無し学習による変数選択法のバイオインフォマティクスへの応用
3. 学会等名 バイオインフォマティクス学会2019年年会
4. 発表年 2019年

1. 発表者名 田口善弘
2. 発表標題 テンソル分解を用いた教師無し学習による変数選択法のバイオインフォマティクスへの応用
3. 学会等名 第41回日本分子生物学会年会
4. 発表年 2018年

1. 発表者名 田口善弘
2. 発表標題 テンソル分解を用いた教師無し学習による変数選択のマルチオミックスデータ解析への応用
3. 学会等名 第42回日本分子生物学会年会
4. 発表年 2019年

1. 発表者名 田口善弘
2. 発表標題 テンソル分解を用いた教師無し学習による変数選択のバイオインフォマティクスへの応用
3. 学会等名 第7回超異分野学会
4. 発表年 2018年

1. 発表者名 田口善弘
2. 発表標題 テンソル分解を用いた教師なし学習による変数選択のバイオインフォマティクスへの応用
3. 学会等名 2017年度生命科学系学会合同年次大会 (ConBio2017)
4. 発表年 2017年

1. 発表者名 田口善弘
2. 発表標題 テンソル分解を用いた 教師なし学習による変数選択のバイオインフォマティクスへの応用
3. 学会等名 NGS現場の会 第五回研究会
4. 発表年 2017年

1. 発表者名 Taguchi Y-h.
2. 発表標題 Multiomics Data Analysis Using Tensor Decomposition Based Unsupervised Feature Extraction
3. 学会等名 International Conference on Intelligent Computing (国際学会)
4. 発表年 2019年

1. 発表者名 早川 路代 , 梅山 秀明 , 岩館 満雄 , 田口 善弘 , 村上 善基
2. 発表標題 Sp1を標的としたHBVウイルスの新規阻害剤の探索
3. 学会等名 情報処理学会第61回BIO研究発表会
4. 発表年 2020年

1. 発表者名 田口 善弘
2. 発表標題 テンソル分解を用いた教師無し学習による変数選択法の一細胞RNA-seq解析への応用
3. 学会等名 電子情報通信学会情報論的学習理論と機械学習 (IBISML) 研究会
4. 発表年 2020年



1. 発表者名 田口 善弘
2. 発表標題 バイオインフォマティクスと倫理・社会
3. 学会等名 電子情報通信学会技術と社会・倫理研究会（招待講演）
4. 発表年 2019年

1. 発表者名 田口 善弘 , 呉 家樂
2. 発表標題 テンソル分解を用いた教師なし学習による変数選択法のTCGAデータベースにおける卵巣がんデータのmicroRNA発現プロファイルとメチル化プロファイルへの適用
3. 学会等名 情報処理学会第60回BIO研究発表会
4. 発表年 2019年

1. 発表者名 田口 善弘
2. 発表標題 テンソル分解に基づく教師なし学習による変数選択はMicroRNAトランスフェクションにより仲介されるmRNAの配列非特異的オフターゲット調節の普遍的性質を同定することができる
3. 学会等名 情報処理学会第59回BIO研究発表会
4. 発表年 2019年

1. 発表者名 田口 善弘
2. 発表標題 テンソル分解と主成分分解を用いた教師なし学習による社会性昆虫のカーストの脳の遺伝子発現プロファイルとDNAメチル化の解析
3. 学会等名 情報処理学会第58回BIO研究発表会
4. 発表年 2019年

1. 発表者名 Y-h. Taguchi
2. 発表標題 Drug candidate identification based on gene expression of treated cells using tensor decomposition-based unsupervised feature extraction for large-scale data
3. 学会等名 InCob2018 (国際学会)
4. 発表年 2018年

1. 発表者名 YH Taguchi, Ka-Lok Ng
2. 発表標題 Tensor Decomposition Based Unsupervised Feature Extraction for Integrated Analysis of TCGA Data on MicroRNA Expression and Promoter Methylation of Genes in Ovarian Cancer
3. 学会等名 IEEE BIBE 2018 (国際学会)
4. 発表年 2018年

1. 発表者名 田口善弘
2. 発表標題 主成分分析を用いた教師なし学習による変数選択の Dengue 出血熱患者血液遺伝子発現プロファイル解析への応用
3. 学会等名 情報処理学会第113回MPS・第50回B10合同研究発表会
4. 発表年 2017年

1. 発表者名 田口善弘
2. 発表標題 テンソル分解を用いた教師なし学習による心的外傷後ストレス障害由来の心臓病原因遺伝子の同定
3. 学会等名 情報処理学会第51回B10研究発表会
4. 発表年 2017年

1. 発表者名 田口善弘、王 秀瑛
2. 発表標題 主成分分析を用いた教師なし学習による筋萎縮性側索硬化症とがんの遺伝的関連性の解明
3. 学会等名 情報処理学会第52回バイオ情報学研究会
4. 発表年 2017年

1. 発表者名 田口善弘
2. 発表標題 テンソル分解に基づく1クラスの示差的発現解析による26の肺腺癌細胞株からの複数のオミックスデータの統合解析への適用
3. 学会等名 情報処理学会第53回BIO研究発表会
4. 発表年 2018年

1. 発表者名 樋口 千洋, 田口善弘
2. 発表標題 マイクロRNAのパスウェイ解析システムの開発
3. 学会等名 情報処理学会第53回BIO研究発表会
4. 発表年 2018年

1. 発表者名 Y-h. Taguchi
2. 発表標題 Tensor decomposition-based unsupervised feature extraction identifies candidate genes that induce post-traumatic stress disorder-mediated heart diseases
3. 学会等名 The 16th International Conference on Bioinformatics (国際学会)
4. 発表年 2017年

1. 発表者名 Y-h. Taguchi
2. 発表標題 Tensor Decomposition based Unsupervised Feature Extraction Identified universal nature of Sequence-non-specific Off-target Regulation of mRNA Mediated by microRNA Transfection
3. 学会等名 The 28th International Conference on Genome Informatics (国際学会)
4. 発表年 2017年

1. 発表者名 Y-h. Taguchi
2. 発表標題 Tensor decomposition/principal component analysis based unsupervised feature extraction applied to brain gene expression and methylation profiles of social insects with multiple castes
3. 学会等名 The Sixteenth Asia Pacific Bioinformatics Conference (国際学会)
4. 発表年 2018年

1. 発表者名 Y-h. Taguchi
2. 発表標題 One-class Differential Expression Analysis using Tensor Decomposition-based Unsupervised Feature Extraction Applied to Integrated Analysis of Multiple Omics Data from 26 Lung Adenocarcinoma Cell Lines
3. 学会等名 2017 IEEE 17th International Conference on Bioinformatics and Bioengineering (国際学会)
4. 発表年 2017年

〔図書〕 計2件

1. 著者名 Y-h. Taguchi	4. 発行年 2019年
2. 出版社 Springer International	5. 総ページ数 321
3. 書名 Unsupervised Feature Extraction Applied to Bioinformatics: A PCA Based and TD Based Approach	

1. 著者名 Y-h. Taguchi, Hsiuying Wang	4. 発行年 2019年
2. 出版社 MDPI	5. 総ページ数 348
3. 書名 Regulatory microRNA	

〔産業財産権〕

〔その他〕

-

6. 研究組織

	氏名 (ローマ字氏名) (研究者番号)	所属研究機関・部局・職 (機関番号)	備考
--	---------------------------	-----------------------	----