

令和 6 年 6 月 21 日現在

機関番号：32641

研究種目：基盤研究(C)（一般）

研究期間：2020～2023

課題番号：20K12067

研究課題名（和文）PCA及びTDを用いた教師無し学習による変数選択法によるscRNA-seq解析

研究課題名（英文）scRNA-seq analysis using PCA and TD based unsupervised feature extraction

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） 3,300,000円

研究成果の概要（和文）：single cell multiomicsの解析にテンソル分解の方法が有効であることを確認して、学術論文や国際会議の研究報告として出版した。特に、遺伝子発現プロファイル、メチル化、ATAC-seqの統合解析に有効であることを確認できた。これによって今後シングルセル解析にテンソル分解を用いることが容易になると期待される。このような研究はいままでされていなかったため非常に貴重な研究成果であるといえることができる。

研究成果の学術的意義や社会的意義
この方法の開発により一細胞解析を教師なし学習で行う道が開けた。教師なし学習は人間の偏見から自由に結果を出すことができるので非常に貴重な成果であると言える。

研究成果の概要（英文）：The effectiveness of the tensor decomposition method for the analysis of single cell multiomics was confirmed and published in scientific papers and as research reports in international conferences. In particular, the method was found to be effective for integrated analysis of gene expression profiles, methylation and ATAC-seq. This is expected to facilitate the use of tensor decomposition for single-cell analysis in the future. This is a very valuable research result, as such research has not been done before.

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

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、研究者個人に帰属します。

様式 C - 19、F - 19 - 1 (共通)

1. 研究開始当初の背景

従来、ゲノム科学の実験に於いては臓器ベースの観測しか行えない状態であった。しかし、臓器は多くの多彩な細胞の集まりであり、膨大な細胞を均した平均しか見ないことは自ずとゲノム科学に限界をもたらしていた。

しかし、近年、一細胞での観測が可能になり、このような限界に一定の解決策が提示されるようになった。一方で一細胞での解析には従来の臓器ベースの観測にはない様々な限界が現れるようになった。

例えば、一細胞の観測では観測できる RNA や DNA の量に限界があり、そもそも観測ができない遺伝子やゲノム上の場所が多発するようになった。遺伝子発現量の解析である RNA-seq であれば、全体の数十パーセントに及ぶ遺伝子の発現がそもそも観測されず、ATAC-seq やメチル化の解析では、わずか数パーセントしか観測できないという事態になる(大部分が欠損値)。このような場合に、どのようにしてデータを解析するかは大きな問題である。

また、いくらシングルセルの数が多いと言っても、ヒトゲノムの全長 30 億よりは少ないので依然としていわゆる large p small n 問題(次元 = 変数の次元に比べてサンプルの数が圧倒的に少ない)という問題を解決することは困難である。

更に、RNA-seq と他の ATAC-seq や、DNA メチル化は RNA-seq とは大きく次元数(変数の数)が異なっており、これらを統合解析するのは困難であった。まとめると、

- データに多くの欠損値がある
 - 大きく異なった次元数を伴った観測の統合解析に困難がある
- という現状があった。

2. 研究の目的

研究の目的はこのような困難がある中で問題の解決を図ることである。欠損値の補完については平均値を埋める、ベイズなどの統計的な方法を用いて欠損値を補完するなどいろいろな方法があるが決定打はない。異なった次元の変数を統合することについてはより深刻で、適切な方法がないため、バラバラに解析を行って、生物学的な結果を総合的に解析することに成りがちである。この様な問題を書いけすることが目的である。

3. 研究の方法

研究の方法としてはテンソル分解を用いる。研究代表者は 10 年ほど前に主成分分析を用いた教師なし学習による変数選択法を、5 年ほど前に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、バイオマーカー探索、疾患原因遺伝子、ドラッグリポジショニングなどの多くの問題に応用して成果を上げてきた。またその結果を 2019 年にシュプリンガー社から「Unsupervised Feature Extraction Applied to Bioinformatics」という成書(単著、300 頁)として刊行した。

この方法の概要は以下のとおりである。まず、 N 変数に対して $M \times K$ 個の観測が行われたとする。ここで M と K は異なった実験条件で例えば M 人の患者の K 種類の臓器に対する観測である。この $N \times M \times K$ のテンソルに対して、タッカー分解と呼ばれるテンソル分解を HOSVD というアルゴリズムで適用する。得られた M 次元と K 次元の特異値ベクトルを観測し、興味がある特徴のあるもの(例えば、臓器特異的に患者と健常者で差があるなど)を見つけ、それらに対して最も寄与の大きい N 次元の特異値ベクトルを探す。

N 次元の特異値ベクトルが見つかったら、これに対して、ガウス分布に従うという帰無仮説を適用し、もっともよく当てはまるようにガウス分布の標準偏差を最適化する。その後、 N 次元の特異値ベクトルの各成分に付与された P 値を多重比較補正して、補正 P 値が閾値以下(例えば、0.05 や 0.01 など)の変数を選ぶことで変数選択を行う方法である。

変数の次元 N が K 個の観測で異なる (N_k) の場合には、個々のプロファイルの特異値分解し、 L 次元の共通空間に落としてから統合解析を行うか、このプロファイルの積をとることで N_k 次元の和をとることで $M \times M$ の行列に変換してから束ねて $M \times M \times L$ のテンソルに変換してからテンソル分解を行う。この場合には N_k 次元の変数が消えてしまうが、得られた M 次元、 K 次元のベクトルにもとの $M \times K \times N_k$ 次元のテンソルをかけることで N_k 次元の変数を回復し、あとは同じように行うことで変数選択を行うという方法を用いる。

4. 研究成果

2024 年 8 月に前掲書の第 2 版(500 頁に大幅に加筆)したものを出版する予定であり、その中には多くのシングルセル解析への応用の結果が記述されている。以下にその概要の説明を

行う。

2021年に出版した「Tensor-Decomposition-Based Unsupervised Feature Extraction in Single-Cell Multiomics Data Analysis」においてはRNA-seq, ATAC-seqおよびDNAメチル化の3つのプロファイルが同時観測された2つのマルチオミクスプロファイルについて、統合解析を行った。これらのプロファイルは細胞数こそ1000個弱と少ないが、ほぼすべての細胞について、遺伝子発現プロファイル、DNAのメチル化プロファイル、ゲノムのアクセシビリティが網羅的に計測されていた。また欠損率はRNA-seqについては70%、DNAメチル化とDNAアクセシビリティに至っては97%が欠損値という極端にスパースなデータセットであった。これらに対して、上記の「最初に特異値分解で共通のL次元空間に落としてからテンソルに束ねてテンソル分解を適用する」という方法を適用したところ以下のような知見を得た。

まず、3種類のプロファイルを個別に特異値分解して得られた細胞に付与された特異値ベクトルを次元圧縮プログラムであるUMAPを用いて低次元に落とす、という操作と、3種類のうち任意の2種類を用いて統合解析で得られた細胞特異値ベクトルにUMAPを適用する場合と、3つのプロファイルを統合して得られた細胞特異値ベクトルにUMAPを適用する、の計7通りの解析を2種類のシングルセルプロファイルに対して行った結果、3種類の統合解析がもっともよく全体の細胞種のラベルと整合的な低次元の埋め込みを出すことが見いだされた。

また、これらの細胞特異値ベクトルは(低次元埋め込みがうまく行っている以上あたり前であるが)個別に細胞種のラベルとの整合性をテストした結果でも過半数がラベルと整合的な結果を得ていた。これらのことから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非常にスパースで次元数が大きく異なる、large p small nの問題という困難な状況でもデータ解析を適切に行える方法であることが確立された。

また、遺伝子に付与された特異値ベクトルを上記の方法で再現してから変数選択を行ったところ、選択された遺伝子は生物学的に非常に有用性のある遺伝子が多く検出されていることが分かった。

これらのことから本研究計画は十分な成果を収めたといえることができる。

5. 主な発表論文等

〔雑誌論文〕 計44件（うち査読付論文 35件 / うち国際共著 21件 / うちオープンアクセス 24件）

1. 著者名 Taguchi Y.-H., Turki Turki	4. 巻 13
2. 論文標題 Integrated Analysis of Tissue-Specific Gene Expression in Diabetes by Tensor Decomposition Can Identify Possible Associated Diseases	5. 発行年 2022年
3. 雑誌名 Genes	6. 最初と最後の頁 1097 ~ 1097
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.3390/genes13061097	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 Handbook of Machine Learning Applications for Genomics	5. 発行年 2022年
3. 雑誌名 Handbook of Machine Learning Applications for Genomics	6. 最初と最後の頁 155 ~ 176
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1007/978-981-16-9158-4	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 Single Cell RNA-seq Analysis Using Tensor Decomposition and Principal Component Analysis Based Unsupervised Feature Extraction	5. 発行年 2022年
3. 雑誌名 Handbook of Machine Learning Applications for Genomics	6. 最初と最後の頁 155 ~ 176
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1007/978-981-16-9158-4_11	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 In Silico Drug Discovery Using Tensor Decomposition Based Unsupervised Feature Extraction	5. 発行年 2022年
3. 雑誌名 Handbook of Machine Learning Applications for Genomics	6. 最初と最後の頁 101 ~ 120
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1007/978-981-16-9158-4_7	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 Multiomics Data Analysis of Cancers Using Tensor Decomposition and Principal Component Analysis Based Unsupervised Feature Extraction	5. 発行年 2022年
3. 雑誌名 Handbook of Machine Learning Applications for Genomics	6. 最初と最後の頁 1~17
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1007/978-981-16-9158-4_1	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 RNA m6A modification and microRNAs	5. 発行年 2022年
3. 雑誌名 Handbook of Machine Learning Applications for Genomics	6. 最初と最後の頁 169~180
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1016/B978-0-323-89774-7.00020-0	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 Kawamura Etsushi, Taguchi Y. H.	4. 巻 12
2. 論文標題 Suppression of intrahepatic cholangiocarcinoma cell growth by SKI via upregulation of the CDK inhibitor p21	5. 発行年 2022年
3. 雑誌名 FEBS Open Bio	6. 最初と最後の頁 2122~2135
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1002/2211-5463.13489	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 Amakura Yuki, Taguchi Y-h.	4. 巻 13
2. 論文標題 Estimation of Metabolic Effects upon Cadmium Exposure during Pregnancy Using Tensor Decomposition	5. 発行年 2022年
3. 雑誌名 Genes	6. 最初と最後の頁 1698~1698
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.3390/genes13101698	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., Turki Turki	4. 巻 17
2. 論文標題 Projection in genomic analysis: A theoretical basis to rationalize tensor decomposition and principal component analysis as feature selection tools	5. 発行年 2022年
3. 雑誌名 PLOS ONE	6. 最初と最後の頁 e0275472
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1371/journal.pone.0275472	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 12
2. 論文標題 Adapted tensor decomposition and PCA based unsupervised feature extraction select more biologically reasonable differentially expressed genes than conventional methods	5. 発行年 2022年
3. 雑誌名 Scientific Reports	6. 最初と最後の頁 17438
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1038/s41598-022-21474-z	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 11
2. 論文標題 microRNA Bioinformatics	5. 発行年 2022年
3. 雑誌名 Cells	6. 最初と最後の頁 3677 ~ 3677
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.3390/cells11223677	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., Turki Turki	4. 巻 12
2. 論文標題 A tensor decomposition-based integrated analysis applicable to multiple gene expression profiles without sample matching	5. 発行年 2022年
3. 雑誌名 Scientific Reports	6. 最初と最後の頁 21242-21242
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1038/s41598-022-25524-4	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 該当する

1. 著者名 Taguchi Y-H., Turki Turki	4. 巻 15
2. 論文標題 Application of Tensor Decomposition to Gene Expression of Infection of Mouse Hepatitis Virus Can Identify Critical Human Genes and Effective Drugs for SARS-CoV-2 Infection	5. 発行年 2021年
3. 雑誌名 IEEE Journal of Selected Topics in Signal Processing	6. 最初と最後の頁 746 ~ 758
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1109/JSTSP.2021.3061251	査読の有無 無
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 217
2. 論文標題 Mathematical formulation and application of kernel tensor decomposition based unsupervised feature extraction	5. 発行年 2021年
3. 雑誌名 Knowledge-Based Systems	6. 最初と最後の頁 106834 ~ 106834
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1016/j.knosys.2021.106834	査読の有無 無
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 Roy Sanjiban Sekhar, Taguchi Y.-H.	4. 巻 11
2. 論文標題 Identification of genes associated with altered gene expression and m6A profiles during hypoxia using tensor decomposition based unsupervised feature extraction	5. 発行年 2021年
3. 雑誌名 Scientific Reports	6. 最初と最後の頁 8909
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1038/s41598-021-87779-7	査読の有無 無
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 16
2. 論文標題 Unsupervised tensor decomposition-based method to extract candidate transcription factors as histone modification bookmarks in post-mitotic transcriptional reactivation	5. 発行年 2021年
3. 雑誌名 PLOS ONE	6. 最初と最後の頁 e0251032
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1371/journal.pone.0251032	査読の有無 無
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 Fujisawa Kota, Shimo Mamoru, Taguchi Y.-H., Ikematsu Shinya, Miyata Ryota	4. 巻 11
2. 論文標題 PCA-based unsupervised feature extraction for gene expression analysis of COVID-19 patients	5. 発行年 2021年
3. 雑誌名 Scientific Reports	6. 最初と最後の頁 17351
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1038/s41598-021-95698-w	査読の有無 無
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 Ishibashi Ryo, Taguchi Y-h.	4. 巻 12
2. 論文標題 Identification of Enhancers and Promoters in the Genome by Multidimensional Scaling	5. 発行年 2021年
3. 雑誌名 Genes	6. 最初と最後の頁 1671 ~ 1671
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.3390/genes12111671	査読の有無 無
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 13
2. 論文標題 Effects of Collagen?Glycosaminoglycan Mesh on Gene Expression as Determined by Using Principal Component Analysis-Based Unsupervised Feature Extraction	5. 発行年 2021年
3. 雑誌名 Polymers	6. 最初と最後の頁 4117 ~ 4117
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.3390/polym13234117	査読の有無 無
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 15
2. 論文標題 Novel feature selection method via kernel tensor decomposition for improved multi-omics data analysis	5. 発行年 2022年
3. 雑誌名 BMC Medical Genomics	6. 最初と最後の頁 37
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1186/s12920-022-01181-4	査読の有無 無
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 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 Roy Sanjiban Sekhar, Rodrigues Nishant, Taguchi Y-h.	4. 巻 10
2. 論文標題 Incremental Dilations Using CNN for Brain Tumor Classification	5. 発行年 2020年
3. 雑誌名 Applied Sciences	6. 最初と最後の頁 4915 ~ 4915
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.3390/app10144915	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 Yh., Turki Turki	4. 巻 11
2. 論文標題 Universal Nature of Drug Treatment Responses in Drug-Tissue-Wide Model-Animal Experiments Using Tensor Decomposition-Based Unsupervised Feature Extraction	5. 発行年 2020年
3. 雑誌名 Frontiers in Genetics	6. 最初と最後の頁 695
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.3389/fgene.2020.00695	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 15
2. 論文標題 A new advanced in silico drug discovery method for novel coronavirus (SARS-CoV-2) with tensor decomposition-based unsupervised feature extraction	5. 発行年 2020年
3. 雑誌名 PLOS ONE	6. 最初と最後の頁 0238907 ~ 0238907
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1371/journal.pone.0238907	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 Ng Ka-Lok, Taguchi Y.-H.	4. 巻 10
2. 論文標題 Identification of miRNA signatures for kidney renal clear cell carcinoma using the tensor-decomposition method	5. 発行年 2020年
3. 雑誌名 Scientific Reports	6. 最初と最後の頁 15149
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1038/s41598-020-71997-6	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 11
2. 論文標題 Tensor-Decomposition-Based Unsupervised Feature Extraction Applied to Prostate Cancer Multiomics Data	5. 発行年 2020年
3. 雑誌名 Genes	6. 最初と最後の頁 1493 ~ 1493
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.3390/genes11121493	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 Hashimoto Shoji, Zhao Hong, Hayakawa Michiyo, Nakajima Koichi, Taguchi Y-h, Murakami Yoshiki	4. 巻 5
2. 論文標題 Developing a diagnostic method for latent tuberculosis infection using circulating miRNA	5. 発行年 2020年
3. 雑誌名 Translational Medicine Communications	6. 最初と最後の頁 25
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1186/s41231-020-00078-7	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 Umezu Tomohiro, Tsuneyama Koichi, Kanekura Kohsuke, Hayakawa Michiyo, Tanahashi Toshihito, Kawano Mitsuoki, Taguchi Y-h, Toyoda Hidenori, Tamori Akihiro, Kuroda Masahiko, Murakami Yoshiki	4. 巻 10
2. 論文標題 Comprehensive analysis of liver and blood miRNA in precancerous conditions	5. 発行年 2020年
3. 雑誌名 Scientific Reports	6. 最初と最後の頁 21766
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1038/s41598-020-78500-1	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 -

1. 著者名 Taguchi Y-h., Dharshini S. Akila Parvathy, Gromiha M. Michael	4. 巻 11
2. 論文標題 Identification of Transcription Factors, Biological Pathways, and Diseases as Mediated by N6-methyladenosine Using Tensor Decomposition-Based Unsupervised Feature Extraction	5. 発行年 2020年
3. 雑誌名 Applied Sciences	6. 最初と最後の頁 213 ~ 213
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.3390/app11010213	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 Parvathy Dharshini S. Akila, Sneha Nela Pragathi, Yesudhas Dhanusha, Kulandaisamy A., Rangaswamy Uday, Shanmugam Anusuya, Taguchi Y-H., Gromiha M. Michael	4. 巻 22
2. 論文標題 Exploring Plausible Therapeutic Targets for Alzheimer's Disease using Multi-omics Approach, Machine Learning and Docking	5. 発行年 2022年
3. 雑誌名 Current Topics in Medicinal Chemistry	6. 最初と最後の頁 1868 ~ 1879
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.2174/1568026622666220902110115	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 Sneha Nela Pragathi, Dharshini S. Akila Parvathy, Taguchi Y.-H., Gromiha M. Michael	4. 巻 13
2. 論文標題 Integrative Meta-Analysis of Huntington's Disease Transcriptome Landscape	5. 発行年 2022年
3. 雑誌名 Genes	6. 最初と最後の頁 2385 ~ 2385
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.3390/genes13122385	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 324
2. 論文標題 Bioinformatic tools for epitranscriptomics	5. 発行年 2023年
3. 雑誌名 American Journal of Physiology-Cell Physiology	6. 最初と最後の頁 C447 ~ C457
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1152/ajpcell.00437.2022	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 Fujita Suguru, Karasawa Yasuaki, Hironaka Ken-ichi, Taguchi Y.-h., Kuroda Shinya	4. 巻 18
2. 論文標題 Features extracted using tensor decomposition reflect the biological features of the temporal patterns of human blood multimodal metabolome	5. 発行年 2023年
3. 雑誌名 PLOS ONE	6. 最初と最後の頁 e0281594
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1371/journal.pone.0281594	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 Turki Turki, Taguchi Y-h.	4. 巻 853
2. 論文標題 A new machine learning based computational framework identifies therapeutic targets and unveils influential genes in pancreatic islet cells	5. 発行年 2023年
3. 雑誌名 Gene	6. 最初と最後の頁 147038 ~ 147038
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1016/j.gene.2022.147038	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 115
2. 論文標題 Principal component analysis- and tensor decomposition-based unsupervised feature extraction to select more suitable differentially methylated cytosines: Optimization of standard deviation versus state-of-the-art methods	5. 発行年 2023年
3. 雑誌名 Genomics	6. 最初と最後の頁 110577 ~ 110577
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1016/j.ygeno.2023.110577	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 1867
2. 論文標題 Tensor decomposition discriminates tissues using scATAC-seq	5. 発行年 2023年
3. 雑誌名 Biochimica et Biophysica Acta (BBA) - General Subjects	6. 最初と最後の頁 130360 ~ 130360
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1016/j.bbagen.2023.130360	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., Komaki Shohei, Sutoh Yoichi, Ohmomo Hideki, Otsuka-Yamasaki Yayoi, Shimizu Atsushi	4. 巻 18
2. 論文標題 Integrated analysis of human DNA methylation, gene expression, and genomic variation in iMETHYL database using kernel tensor decomposition-based unsupervised feature extraction	5. 発行年 2023年
3. 雑誌名 PLOS ONE	6. 最初と最後の頁 e0289029
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1371/journal.pone.0289029	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 Turki Turki, Roy Sanjiban Sekhar, Taguchi Y.-H.	4. 巻 16
2. 論文標題 Optimized Tensor Decomposition and Principal Component Analysis Outperforming State-of-the-Art Methods When Analyzing Histone Modification Chromatin Immunoprecipitation Profiles	5. 発行年 2023年
3. 雑誌名 Algorithms	6. 最初と最後の頁 401 ~ 401
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.3390/a16090401	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 11
2. 論文標題 Integrated Analysis of Gene Expression and Protein-Protein Interaction with Tensor Decomposition	5. 発行年 2023年
3. 雑誌名 Mathematics	6. 最初と最後の頁 3655 ~ 3655
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.3390/math11173655	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 Turki Turki, Taguchi Y-h.	4. 巻 124
2. 論文標題 GENEvaRX: A novel AI-driven method and web tool can identify critical genes and effective drugs for Lichen Planus	5. 発行年 2023年
3. 雑誌名 Engineering Applications of Artificial Intelligence	6. 最初と最後の頁 106607 ~ 106607
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1016/j.engappai.2023.106607	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 6
2. 論文標題 Application note: TDbasedUFE and TDbasedUFEadv: bioconductor packages to perform tensor decomposition based unsupervised feature extraction	5. 発行年 2023年
3. 雑誌名 Frontiers in Artificial Intelligence	6. 最初と最後の頁 1237542
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.3389/frai.2023.1237542	査読の有無 無
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 Sneha Nela Pragathi, Dharshini S. Akila Parvathy, Taguchi Y.-h., Gromiha M. Michael	4. 巻 14
2. 論文標題 Investigating Neuron Degeneration in Huntington's Disease Using RNA-Seq Based Transcriptome Study	5. 発行年 2023年
3. 雑誌名 Genes	6. 最初と最後の頁 1801 ~ 1801
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.3390/genes14091801	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 1
2. 論文標題 Advanced Tensor Decomposition-Based Integrated Analysis of Protein-Protein Interaction with Cancer Gene Expression Can Improve Coincidence with Clinical Labels	5. 発行年 2023年
3. 雑誌名 11th International Conference on Bioinformatics and Computational Biology (ICBCB)	6. 最初と最後の頁 1-2
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1109/ICBCB57893.2023.10246633	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 Umezu Tomohiro, Tanaka Shogo, Kubo Shoji, Enomoto Masaru, Tamori Akihiro, Ochiya Takahiro, Taguchi Y. H., Kuroda Masahiko, Murakami Yoshiki	4. 巻 7
2. 論文標題 Characterization of circulating <sc>miRNAs</sc> in the treatment of primary liver tumors	5. 発行年 2023年
3. 雑誌名 Cancer Reports	6. 最初と最後の頁 1-9
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1002/cnr2.1964	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 -

〔学会発表〕 計26件（うち招待講演 5件 / うち国際学会 11件）

1. 発表者名 Y-H. Taguchi , Ryo Ishibashi
2. 発表標題 Tensor decomposition and principal component analysis based unsupervised feature extraction with optimized standard deviation applied to gene expression, DNA methylation and histone modification
3. 学会等名 ISMB2022 (国際学会)
4. 発表年 2022年

1. 発表者名 Ryo Ishibashi , Y-H. Taguchi
2. 発表標題 Identification of DNA loops in the Genome by Multi-Dimensional Scaling
3. 学会等名 ISMB2022 (国際学会)
4. 発表年 2022年

1. 発表者名 Y-h. Taguchi
2. 発表標題 Tensor-Decomposition-Based Unsupervised Feature Extraction Applied to Prostate Cancer Multiomics Data
3. 学会等名 8th ANNUAL CONGRESS of the European society for translational medicine (招待講演) (国際学会)
4. 発表年 2021年

1. 発表者名 Mamoru Shimo , Kota Fujisawa , Y-H. Taguchi , Sinya Ikematu , Ryota Miyata
2. 発表標題 Application of PCA-based unsupervised feature extraction for gene selection associated with COVID-19 severity
3. 学会等名 第10回生命医薬情報学連合大会
4. 発表年 2021年

1. 発表者名 Y-h. Taguchi , Turki Turki
2. 発表標題 Mathematical formulation and application of kernel tensor decomposition based unsupervised feature extraction
3. 学会等名 第10回生命医薬情報学連合大会
4. 発表年 2021年

1. 発表者名 Y-h. Taguchi , Turki Turki
2. 発表標題 Projection in genomic analysis: A theoretical basis to rationalize tensor decomposition and principal component analysis as feature selection tools
3. 学会等名 The 20th International Conference on Bioinformatics (国際学会)
4. 発表年 2021年

1. 発表者名 Y-h. Taguchi
2. 発表標題 The 20th International Conference on Bioinformatics
3. 学会等名 The 3rd International Symposium on Engineering and Technology (ISET 2021) (招待講演) (国際学会)
4. 発表年 2021年

1. 発表者名 田口善弘 , 鹿島誠
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のRNAi 処理を行ったプラナリアのRNA-seq解析への適用
3. 学会等名 情報処理学会バイオ情報学研究会
4. 発表年 2020年

1. 発表者名 Nobuo Hosaka , Y-h. Taguchi
2. 発表標題 Conjecturing human genes that are easy to be double strand breaks by tensor decomposition
3. 学会等名 情報処理学会バイオ情報学研究会
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によるmiRNA/mRNA/プロテオームの統合解析
3. 学会等名 情報処理学会バイオ情報学研究会
4. 発表年 2020年

1. 発表者名 田口善弘
2. 発表標題 カーネルテンソル分解を用いた教師なし学習による変数選択法 ~ バイオインフォマティクスへの応用 ~
3. 学会等名 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 カーネルテンソル分解を用いた教師なし学習による変数選択法 ~ バイオインフォマティクスへの応用 ~
3. 学会等名 情報処理学会バイオ情報学研究会
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 Single Cell RNA-seq Data Analysis
3. 学会等名 ICBCB2020 (招待講演) (国際学会)
4. 発表年 2020年

1. 発表者名 Y-h. Taguchi
2. 発表標題 Tensor decomposition based unsupervised Feature Extraction applied to in silico COVID-19 drug discovery based upon analysis of gene expression profiles altered by SARS-CoV-2 infection
3. 学会等名 第九回生命医薬情報学連合大会(IIBMP2020)
4. 発表年 2020年

1. 発表者名 保坂伸生 , 田口善弘
2. 発表標題 テンソル分解により二本鎖切断になりやすいヒト遺伝子の推定
3. 学会等名 第九回生命医薬情報学連合大会(IIBMP2020)
4. 発表年 2020年

1. 発表者名 Y-h. Taguchi
2. 発表標題 In silico drug discovery for COVID-19 using gene expression profiles of mouse infected by MHV and those of human cell lines infected by SARS-CoV-2
3. 学会等名 7th Annual Congress of the European Society for Translational Medicine on Covid-19 (招待講演) (国際学会)
4. 発表年 2020年

1. 発表者名 Kota Fujisawa , Mamoru Shimo , Yoshihiro Taguchi , Shinya Ikematu , Ryota Miyata
2. 発表標題 Selecting the genes related to COVID-19 with PCA-based unsupervised feature extraction
3. 学会等名 C B I 学会2020年会
4. 発表年 2020年

1. 発表者名 Y-h. Taguchi , S Akila Parvathy Dharshini , M. Michael , Gromiha
2. 発表標題 Identification of Transcription Factors, Biological Pathways, and Diseases as Mediated by N6-methyladenosine using Tensor Decomposition-Based Unsupervised Feature Extraction.
3. 学会等名 The 2nd International Symposium on Engineering and Technology (ISET 2020) (国際学会)
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を用いたCOVID-19治療薬の探索
3. 学会等名 IBIS2020
4. 発表年 2020年

1. 発表者名 Y-h. Taguchi
2. 発表標題 Unsupervised tensor decomposition-based method to extract candidate transcription factors as histone modification bookmarks in post-mitotic transcriptional reactivation
3. 学会等名 The 19th International Conference on Bioinformatics (InCoB 2020) (国際学会)
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を用いたCOVID-19治療薬のリポジショニング
3. 学会等名 第43回日本分子生物学会年会
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なし学習による変数選択法を用いたゲノムデータ解析
3. 学会等名 イノベーションジャパン
4. 発表年 2020年

1. 発表者名 Y-h. Taguchi
2. 発表標題 Principal Component Analysis, Tensor Decomposition, and Kernel Tensor Decomposition Based Unsupervised Feature Extraction Applied to Bioinformatics
3. 学会等名 2020 International Symposium on Automation, Information and Computing (招待講演) (国際学会)
4. 発表年 2020年

1. 発表者名 Y-h. Taguchi
2. 発表標題 Advanced unsupervised feature extraction finds novel application and software tool to select more reasonable differentially methylated cytosine
3. 学会等名 GIW/ISCB-Asia 2022 (国際学会)
4. 発表年 2022年

1. 発表者名 Y-h. Taguchi
2. 発表標題 TDbasedUFE and TDbasedUFEadv: bioconductor packages to perform tensor decomposition based unsupervised feature extraction
3. 学会等名 BiocAsia2023
4. 発表年 2024年

1. 発表者名 YH Taguchi , Turki Turki
2. 発表標題 Advanced Tensor Decomposition-Based Integrated Analysis of Protein-Protein Interaction with Cancer Gene Expression Can Improve Coincidence with Clinical Labels
3. 学会等名 2023 11th International Conference on Bioinformatics and Computational Biology (ICBCB)
4. 発表年 2023年

〔図書〕 計4件

1. 著者名 田口 善弘	4. 発行年 2021年
2. 出版社 講談社	5. 総ページ数 224
3. 書名 はじめての機械学習 中学数学でわかるAIのエッセンス	

1. 著者名 執筆者：81名、技術情報協会	4. 発行年 2022年
2. 出版社 技術情報協会	5. 総ページ数 530
3. 書名 疾患原因遺伝子・タンパク質の解析技術と創薬/診断技術への応用	

1. 著者名 田口 善弘	4. 発行年 2020年
2. 出版社 講談社	5. 総ページ数 224
3. 書名 生命はデジタルでできている 情報から見た新しい生命像	

1. 著者名 田口 善弘	4. 発行年 2024年
2. 出版社 講談社	5. 総ページ数 272
3. 書名 学び直し高校物理 挫折者のための超入門	

〔産業財産権〕

〔その他〕

TDbasedUFE https://doi.org/doi:10.18129/B9.bioc.TDbasedUFE TDbasedUFEadv https://doi.org/doi:10.18129/B9.bioc.TDbasedUFEadv

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

7. 科研費を使用して開催した国際研究集会

〔国際研究集会〕 計0件

8. 本研究に関連して実施した国際共同研究の実施状況

共同研究相手国	相手方研究機関
---------	---------