

主な研究課題・発表代表論文

システムバイオインフォマティクス講座（旧衛生学講座） Systems Bioinformatics

研究領域 医療環境統御医学

教授 浅井 義之 Yoshiyuki Asai

Web ページ : <http://sysbioinfo.med.yamaguchi-u.ac.jp/>

主な研究課題

- ・ インスリン分泌機構、神経回路網情報伝達機構、遺伝子発現調節機構など生理機能のシステムバイオロジーモデルの構築とシミュレーションによる機能理解と創薬などへの応用
- ・ 教師あり機械学習、教師無し機械学習などの解析技術を用いた罹患リスク・悪化リスクの予測技術や副作用原因役同定技術の開発
- ・ バイオインフォマティクスによる、全ゲノムおよびエクソームシーケンシングデータを用いた疾患原因変異の同定および疾患メカニズムの解明
- ・ バイオインフォマティクスによる、がんに関係する長鎖non-coding RNA (lncRNA)の研究

発表代表論文

1. Kazuki Hamada, Takeshi Abe, Kyoji Kouda, Masahiko Nakatsui, Takashi Kitahara, Kazuto Matsunaga, Yoshiyuki Asai. Estimating Culprit Drugs for Adverse Drug Reactions based on Bayesian Inference. *Clinical pharmacology and therapeutics*, 2023.
2. Takeshi Abe, Yoshiyuki Asai, Masashi Dotare, Takahide Hayano, Stephen H. Perrig, Manon Jaquerod, Alessandra Lintas, Alessandro E. P. Villa. Causal Interactions Among Cortical Regions During Sleep Based on fNIRS Recordings. *Advances in Cognitive Neurodynamics (VII)*, 2021
3. Dotare M, Bader M, Mesrobian SK, Asai Y, Villa AEP, Lintas A. Attention Networks in ADHD Adults after Working Memory Training with a Dual n-Back Task. *Brain Sci.* 10(10), 2020
4. Mihara Y, Maekawa R, Sato S, Shimizu N, Doi-Tanaka Y, Takagi H, Shirafuta Y, Shinagawa M, Tamura I, Taketani T, Tamura H, Abe T, Asai Y, Sugino N. An Integrated Genomic Approach Identifies HOXC8 as an Upstream Regulator in Ovarian Endometrioma. *J Clin Endocrinol Metab.* 105(12), 2020
5. Abe T, Asai Y. Flint: a simulator for biological and physiological models in ordinary and stochastic differential equations. *Journal of Open Source Software*, 5(53), 2020.
6. Hayano T. et al. Germline Variants of Prostate Cancer in Japanese Families. *PLoS One*, 11 (10) : e0164233, 2016.
7. Hayano T. et al. Identification of novel exonic mobile element insertions in epithelial ovarian

cancers. *Hum Genome Var*, 2:15030, 2015.

8. Asai Y. et al. Databases for multilevel biophysiology research available at Physiome.jp. *Front Physiol*, 6 : 251, 2015.