

システムコホート学分野

Division of System Cohort

准教授

山西 芳裕

Associate Professor :  
Yoshihiro Yamanishi, Ph.D.

E-mail : yamanishi@bioreg.kyushu-u.ac.jp



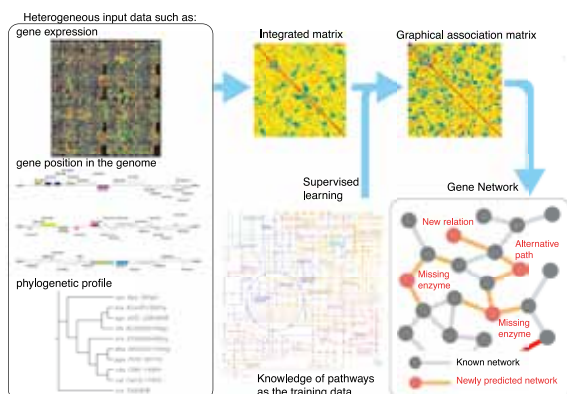
Profile

- 岡山大学環境理工学部卒業、京都大学大学院理学研究科修了
- 2003年、京都大学化学研究所所長賞「奨励賞」を受賞
- 2005年、仏国パリ国立高等鉱業学校バイオインフォマティクスセンター・ポスドク
- 2006年、京都大学化学研究所バイオインフォマティクスセンター・助手、助教
- 2008年、仏国キュリー研究所・常勤研究員、仏国パリ国立高等鉱業学校バイオインフォマティクスセンター・常勤研究員
- 2012年、九州大学高等研究院・准教授、九州大学生体防御医学研究所システムコホート学分野・准教授
- 2014年、文部科学大臣表彰「若手科学者賞」を受賞
- 2015年、JSTさきがけ研究者

# オミックスデータを解析する 情報技術確立し、医療や創薬へ応用する

■研究概要

生命科学において重要な様々な分子（遺伝子、タンパク質、低分子化合物、薬物など）を解析するためのバイオインフォマティクスの研究を行っている。特に、これらの分子に関するゲノム、トランスクリプトーム、プロテオーム、メタボローム、フェノームなどの網羅的データから様々な分子間相互作用ネットワーク（遺伝子機能ネットワーク、タンパク質間相互作用、代謝パスウェイ、薬物・標的タンパク質間相互作用など）を予測する統計手法を開発している。図は異質な網羅的データの融合から遺伝子ネットワークを予測する概念図を示す。また医療や創薬への応用では、ケモゲノミクスや薬理ゲノミクスに基づく薬物の標的分子の大規模予測、既存薬の適用拡大を目指すドラッグリポジショニングを行なっている。



■Research Projects

Our research objective is to develop information technologies to analyze bio-molecules (e.g., genes, proteins, compounds, drugs) in life science. In particular, we develop novel statistical methods to predict various molecular interaction networks (e.g., gene functional network, protein-protein interactions, metabolic pathways) from heterogeneous omics data such as genome, transcriptome, proteome, metabolome, and phenome. The figure shows an illustration of predicting gene functional networks. We also work on pharmaceutical applications such as prediction of drug targets in the framework of chemogenomics and pharmacogenomics and prediction of new drug indications for drug repositioning.

■Major Recent Publications:

1. Iwata M., Sawada R., Iwata H., et al. Elucidating the modes of action for bioactive compounds in a cell-specific manner by large-scale chemically-induced transcriptomics, **Scientific Reports** 7:40164, 2017.
2. Sawada R., Iwata H., Mizutani S., et al. Target-based drug repositioning using large-scale chemical-protein interactome data. **J. Chem. Inf. Model.** 55(12): 2717–30, 2015.
3. Yamanishi Y., Kotera M., Moriya Y., et al. DINIES: drug-target interaction network inference engine based on supervised analysis. **Nucl. Acids Res.** 42: W39-45, 2014.
4. Kotera M., Yamanishi Y., Moriya Y., et al. GENIES: gene network inference engine based on supervised analysis. **Nucl. Acids Res.** 40: W162-7, 2012.