

ネットワークAI統計解析部門

Division of Network AI Statistics

教授

藤田 アンドレ

Professor : Andre Fujita, Ph.D.

E-mail : andre.fujita@bioreg.kyushu-u.ac.jp

Profile

- サンパウロ大学情報学部卒業、サンパウロ大学大学院理学系研究科修了
  - 2007年、東京大学医科学研究所ヒトゲノム解析センター・特別研究員
  - 2009年、理化学研究所、基礎科学特別研究員
  - 2011年、サンパウロ大学数学統計研究所・独立助教
  - 2016年、サンパウロ大学数学統計研究所・独立准教授
  - 2020年、バイオインフォマティクス大学院プログラム部門長(選任)
  - 2022年、バイオインフォマティクス大学院プログラム部門長(再選任)
  - 2023年、九州大学生体防御医学研究所 ネットワークAI統計解析部門・教授
- 
- 2017年、優秀科学者賞、ブラジルバイオインフォマティクス学会
  - 2017年、Alexander von Humboldt Fellowship、ドイツ
  - 2018年、Newton Advanced Fellowship、ニュートン財団・医学アカデミー、英国
  - 2021年、Fulbright Fellowship、Department of State、米国
  - 2021年、Intercontinental Academia Fellowship、UBIAS
  - 2022年、Latin America Research Award、Google



# 人間行動の複雑性を解明する：生物学的ネットワークからの洞察

■研究概要

人間の行動や特徴の多くは、生物学的要素の相互作用から生まれます。細胞は複雑なコミュニケーションネットワークを形成し、遺伝子発現パターンを支配するシグナルをやり取りしています。その調節不全は病態生理学的状態(例えば癌)につながります。脳には約860億個のニューロンによる複雑なネットワークがあり、このような脳内ネットワークの障害は、精神疾患(ADHDなど)と関連しています。より巨視的なレベルでは、社会的相互作用が認知や行動に影響を及ぼしています。

私たちは、人間の行動や特性が、このような生物学的ネットワークからどのように生まれるのかを理解することに重点を置いています。しかし、生物学的ネットワークは確率的であること、またそれらは数ではなく、ノードとエッジからなるオブジェクトであることから、標準的な計算・統計的アプローチには限界があります。このような問題を克服するために、我々のグループでは、統計的手法(t検定・ANOVA、ピアソン相関、PCAなど)をネットワークデータ解析に拡張しています。従来のグラフ理論やネットワーク科学が、マッチング、カラーリング、モチーフ、中心性尺度などに焦点をあてているのに対し、我々の研究は、ネットワークに関する統計手法の開発と適用という、新しいパラダイムにつながるものです。

■Research Projects

Many human behaviors and characteristics result from interactions between biological elements (biological networks). Cells engage in intricate communication networks, exchanging signals that control gene expression patterns. Dysregulation can lead to pathophysiological conditions (e.g., cancer). The brain has 86 billion neurons that form a complex network. Disruptions in these brain networks are associated with psychiatric disorders (e.g., ADHD). At a more macroscopic level, social interactions influence cognition and behavior.

We focus on understanding how human behavior and traits emerge from these biological networks. Biological networks, however, are stochastic. Moreover, they are not numbers but objects composed of nodes and edges. Thus, standard computational/statistical approaches are of limited use. To overcome these problems, our group extends classical statistical methods (e.g., t-test/ANOVA, Pearson correlation, PCA, and others) to network data analysis. While conventional graph theory and network science focus on matching, coloring, motifs, and centrality measures, our research leads to a novel paradigm: developing and applying formal statistical methods on networks.

■Major Recent Publications:

1. Guzman G.E.C., Stadler P.F., Fujita A.  
Cavity approach for the approximation of spectral density of graphs with heterogeneous structures. *Physical Review E* 109: 034303, 2024.
2. Biazzi R.B., Fujita A., Takahashi D.Y.  
Convergent evolution in silico reveals shape and dynamic principles of directed locomotion. *eLife* 12: RP87180, 2023.
3. Farhat L.C., Blakey R., Smith G.D., et al.  
Networks of neurodevelopmental traits, socioenvironmental factors, emotional dysregulation in childhood, and depressive symptoms across development in two U.K. cohorts. *Am. J. Psychiatry* 180: 755-65, 2023.