

特命准教授 奥 牧人

Specially Appointed
Associate Professor

Makito Oku (Ph.D.)

◇研究目的

本分野は、生命情報科学および数理科学の観点から和漢医薬学に関する研究を幅広く支援および推進することを目的とする。

◇研究概要

本分野では、和漢医薬学総合研究所が持つ各データベースの管理業務に関して技術的な側面から支援を行っている。また、研究面に関しては和漢医薬学研究に役立てることを目的とした遺伝子発現量データ解析手法の開発や漢方処方ネットワーク分析などに取り組んでいる。

◇原著論文

- 1) Koizumi K., Oku M., Hayashi S., Inujima A., Shibahara N., Chen L., Igarashi Y., Tobe K., Saito S., Kadowaki M., Aihara K.: Identifying pre-disease signals before metabolic syndrome in mice by dynamical network biomarkers. *Sci. Rep.*, 9(1):8767, 2019. doi:10.1038/s41598-019-45119-w.
- 2) Oku M.: Network analysis of kampo formulas based on crude drug composition and indications. *Trad. Kampo Med.*, 6(3):139-147, 2019. doi:10.1002/tkm2.1229.

◇学会報告 (*: 特別講演, 招へい講演)

- 1) Oku M.: Bubbloid algorithm: A simple method for generating bubble-like line drawings. IIAI AAI 2019, 2019 Jul 7, Toyama. doi: 10.1109/IIAI-AAI.2019.00191.
- 2) 奥 牧人: 構成生薬および効能に基づく漢方処方のネットワーク分析. 第36回和漢医薬学会学術大会, 2019 Aug 31, 富山.
- 3) 奥 牧人: KampoDB の結合シミュレーション結果の概説. 第59回バイオ情報学研究会, 2019 Sep 8, 東京.
- 4) 村田 健哉, 春木 孝之, 吉田 泰彦, 奥 牧人, 小泉 桂一, 門脇 真: デング熱ウイルス感染経過データに対する動的ネットワークバイオマーカー解析の適用. 第61回バイオ情報学研究会, 2020 Mar 12, 能美. (オンライン発表)
- 5) 奥 牧人: フローサイトメトリーデータ解析ための方向制限付きアースムーバー距離の効率的な計算法. 第61回バイオ情報学研究会, 2020 Mar 13, 能美. (オンライン発表)
- 6) 奥 牧人: 伝統医薬データベースに登録された生物検定データの統合クラスタ解析. 日本薬学会第140年会, 2020 Mar 26, 京都. (開催中止だが主催者が発表は成立したとすることを決定)

◇共同研究

- 1) 合原 一幸（東京大学）代表，「生命病態システムの数理モデリングとその個別化医療への応用のための数理的基盤の確立，科研費基盤 S，2016年度～2019年度
- 2) 小泉 桂一（和漢研）代表，「漢方医薬学と複雑系数理科学の挑戦 ～未病の検出から始まる新たな医療戦略の構築へ～」，科研費基盤 B 特設，2017年度～2020年度
- 3) 門脇 真（和漢研）代表，「医薬学と複雑系数理学からの挑戦 ～「未病」の解明、そして新たな医療体系の構築と、地域との連携による健康人口の増加～」，学長裁量経費，2017年度～2019年度

◇その他

- 1) 奥 牧人：機械学習による未病の診断に向けて．富山大学市民講座 2019，2019 Oct 26，富山．