

## 業績・活動リスト

富永大介

明治薬科大学 薬学教育研究センター 数理科学部門 生命情報科学研究室

令和7年9月1日

Publishing and activities, Daisuke Tominaga, Meiji Pharmaceutical University, 2025 February 1.

### 1. 誌上発表

#### [国際誌 査読有り 筆頭]

- "Logarithmic Quadratic Regression Model for Early Periods of COVID-19 Epidemic Count Data", Daisuke Tominaga, Archives of Clinical and Biomedical Research, Vol. 5, No. 5, pp. 763-793, 2021.10.
- "Mathematical Model for Small Size Time Series Data of Bacterial Secondary Metabolic Pathways", Daisuke Tominaga, Hideo Kawaguchi, Yoshimi Hori, Tomohisa Hasunuma, Chiaki Ogino and Sachiyo Aburatani, Bioinformatics and Biology Insights, Vol. 12, pp. 1-7, 2018.5.
- "Linear and Nonlinear Regression for Combinatorial Optimization Problem of Multiple Transgenesis", Daisuke Tominaga, Kazuki Mori, Sachiyo Aburatani, IPSJ Transactions on Bioinformatics, Vol. 9, pp. 7-11, 2016.3.
- "Statistical stage transition detection method for small sample gene expression time series data", Daisuke Tominaga, Mathematical Biosciences, Vol. 254, pp. 58-63, 2014.7.
- "Periodicity detection method for small-sample time series datasets", Daisuke Tominaga, Bioinformatics and Biology Insights, Vol. 4, pp. 127-136, 2010.11.
- "Judgment Algorithm for Periodicity of Time Series Data based on Bayesian Information Criterion", Daisuke Tominaga, Katsuhisa Horimoto, Journal of Bioinformatics and Computational Biology, Vol. 6, No. 4, pp 747-757, 2008.8.
- "High-throughput Automated Image Processing System for Cell Array Observations", Daisuke Tominaga, Fukumi Iguchi, Katsuhisa Horimoto, Yutaka Akiyama, IPSJ Transactions on Bioinformatics, Vol. 48, No. SIG 17(TBIO 3), pp. 1-7, 2007.11.
- "Inference of Scale-free Networks From Gene Expression Time Series", Daisuke Tominaga, Paul Horton, Journal of Bioinformatics and Computational Biology, Vol. 4, No. 2, pp. 503-514, 2006.4.

#### [国際誌 査読有り 責任著者]

- "Estimate hidden dynamic profiles of siRNA effect on apoptosis", Takanori Ueda, Daisuke Tominaga, Noriko Araki, Tomohiro Yoshikawa, BMC Bioinformatics, vol. 14, 97, 2013.3.

#### [国際誌 査読有り 非筆頭]

- "Inter-tissue glycan heterogeneity: site-specific glycoform analysis of mouse tissue N-glycoproteomes using MS1-based glycopeptide detection method assisted by lectin microarray", Chiaki Nagai-Okatani, Azusa Tomioka, Daisuke Tominaga, Hiroaki Sakaue, Atsushi Kuno, Hiroyuki Kaji, Analytical and Bioanalytical Chemistry, 417:973-988, 2025.2.
- "GRable Version 1.0: A Software Tool for Site-Specific Glycoform Analysis With Improved MS1-Based Glycopeptide Detection With Parallel Clustering and Confidence Evaluation With MS2 Information", Chiaki Nagai-Okatani, Daisuke Tominaga, Azusa Tomioka, Hiroaki Sakaue, Norio Goda, Shigeru Ko, Atsushi Kuno, and Hiroyuki Kaji, Molecular and Cellular

Proteomics, volume 23, issue 9, 100833, <https://doi.org/10.1016/j.mcpro.2024.100833>, 2024.9.

- "Rapid Quantification of Microvessels of Three-Dimensional Blood-Brain Barrier Model Using Optical Coherence Tomography and Deep Learning Algorithm", Huiting Zhang, Dong-Hee Kang, Marie Piantino, Daisuke Tominaga, Takashi Fujimura, Noriyuki Nakatani, J. Nicholas Taylor, Tomomi Furihata, Michiya Matsusaki, Satoshi Fujita, Biosensors, volume 13, 818, <https://doi.org/10.3390/bios13080818>, 2023.8.
- "Cortical transcriptome analysis after spinal cord injury reveals the regenerative mechanism of central nervous system in CRMP2 knock-in mice", Ayaka Sugeno, Wenhui Piao, Miki Yamazaki, Kiyofumi Takahashi, Koji Arikawa, Hiroko Matsunaga, Masahito Hosokawa, Daisuke Tominaga, Yoshio Goshima, Haruko Takeyama, Toshio Ohshima, Neural Regeneration Research, vol. 16, issue 7, pp. 1258-1265, 2020.12.
- "MFSPSSMpred: identifying short disorder-to-order binding regions in disordered proteins based on contextual local evolutionary conservation", Chun Fang, Tamotsu Noguchi, Daisuke Tominaga and Hayato Yamana, BMC Bioinformatics, vol. 14, 300, 2013.10.
- "Two-way AIC: detection of differentially expressed genes from large scale microarray meta-dataset", Koki Tsuyuzaki, Daisuke Tominaga, Yeondae Kwon, Satoru Miyazaki, BMC Genomics, vol. 14(Suppl 2), S9, 2013.2.
- "Dynamic modeling of genetic networks using genetic algorithm and S-system", Shinich Kikuchi, Daisuke Tominaga, Masanori Arita, Katsutoshi Takahashi, Masaru Tomita, Bioinformatics, vol. 19, No. 5, pp. 643-650, 2003.3.
- "Detecting outlying samples in microarray data: A critical assessment of the effect of outliers on sample classification", Koji Kadota, Daisuke Tominaga, Yutaka Akiyama, Katsutoshi Takahashi, CBI Journal, Vol. 3, No. 1, pp. 30-45, 2003.7.
- "Nonlinear Numerical Optimization with Use of a Hybrid Genetic Algorithm Incorporated the Modified Powell Method", Masahiro Okamoto, Taisuke Nonaka, Shuichiro Ochiai, Daisuke Tominaga, Applied Mathematics and Computation, Vol. 91, pp. 63-72 1998.
- "Design of Virtual-Labo-System for Metabolic Engineering: Development of Biochemical Engineering System Analyzing Tool-KIT(BEST-KIT)", Masahiro Okamoto, Yoshimitsu Morita, Daisuke Tominaga, Kouji Tanaka, Noriaki Kinoshita, Jun-Ichi Ueno, Yuichi Miura, Yukihiro Maki, Yukihiro Eguchi, Computers Chemical Engineering, Vol. 21, S745-S750, 1997.

#### [国内誌 査読有り 筆頭]

- "逆問題 (inverse problem) 解決のための遺伝的アルゴリズムを用いた多次元非線形数値最適化手法の開発", 富永大介, 岡本正宏, 化学工学論文集, Vol. 25, No. 2, pp. 220-225, 1999.3.

#### [国際会議議事録 査読有り 筆頭]

- "Analysis of network dynamics including hidden variables by symbolic-numeric approach", Daisuke Tominaga, Yasuhito Tokumoto, Masahiko Nakatsui, Fuyan Sun, Jun Miyake, Katsuhisa Horimoto, Proceedings of the 2nd International Symposium on Optimization and Systems Biology, pp. 243-248, 2008.10.
- "Judgment algorithm for detection of periodicity and its application", Daisuke Tominaga, Katsuhisa Horimoto, Proceedings of the 3rd Moscow Conference on Computational Molecular Biology, pp. 296-297, 2007.7.
- "Symbolic approach for dynamical analysis of biological network modules", Daisuke Tominaga, Katsuhisa Horimoto, The 11th World Multi-Conference on Systemics, Cybernetics and Informatics Proceedings, Vol. 4, pp. 25-29, 2007.7

- "Development of automated image processing procedure for cell-arrays", Daisuke TOMINAGA, Fukumi Iguchi, Yutaka Akiyama, Katsuhisa HORIMOTO, The 11th World Multi-Conference on Systemics, Cybernetics and Informatics Proceedings, Vol. 4, pp. 19-24, 2007.7.
- "Non-Arbitrary Judgment Algorithm for Periodicity of Time Series", Daisuke Tominaga, Paul Horton, The 10th World Multi-Conference on Systemics, Cybernetics and Informatics Proceedings, Vol. 4, pp. 17-22, 2006.7.
- "Optimization of S-system models for quantitative time-developing gene networks", Daisuke Tominaga, Paul Horton, Proceedings of the Moscow Conference on Computational Molecular Biology, pp. 82-83, 2005.7.
- "Distributed Genetic Algorithm for Inference of Biological Scale-Free Network Structure", Daisuke Tominaga, Katsutoshi Takahashi, Yutaka Akiyama, High Performance Computing, LNCS 2858, No. 214, pp. 214-221, 2003.10.
- "Towards a System for the Inference of Large Scale Genetic Networks: Efficient Numerical Optimization Algorithm Based on Genetic Algorithm for Inverse Problem", Daisuke Tominaga, Masahiro Okamoto, Nobuto Koga, Yukihiro Maki, Shoji Watanabe, Yukihiro Eguchi, IPSJ Symposium Series, Vol. 2000, No. 5, pp. 29-37, 2000
- "Efficient Numerical Optimization Algorithm Based on Genetic Algorithm for Inverse Problem", Daisuke Tominaga, Nobuto Koga, Masahiro Okamoto, Proceedings of Genetic and Evolutionary Computation Conference (GECCO 2000), pp. 252-258, 2000.
- "Inference Algorithm for Interaction Mechanism in Genetic Network Using Experimentally Observed Time-course Data", Daisuke Tominaga, Masahiro Okamoto, Yukihiro Maki, Shoji Watanabe, Yukihiro Eguchi, Proceedings of the 2nd International Workshop on Advanced Genomics, Vol. 1, pp. 76-76, 1999.
- "Nonlinear Numerical Optimization Technique Based on a Genetic Algorithm for Inverse Problems: Towards the Inference of Genetic Networks", Daisuke Tominaga, Masahiro Okamoto, Yukihiro Maki, Shoji Watanabe, Yukihiro Eguchi, Proceeding of German Conference on Bioinformatics '99, pp. 127-140, 1999.
- "Design of Canonical Model Describing Complex Nonlinear Dynamics", Daisuke Tominaga, Masahiro Okamoto, Proceeding of 7th International Conference on Computer Applications in Biotechnology, pp. 85-90, 1998.
- "Discovery of a Skeletal Network Describing Complex Nonlinear Dynamics: Optimized Essential Model for Temporal Input-Output Matching", Daisuke Tominaga, Jun-Ichi Ueno, Yuichi Miura, Masahiro Okamoto, In: Proceedings of fourth International Conference on Soft Computing (Iizuka '96), Tutorials, Vol. 2, pp. 65-80, World Scientific, New Jersey, 1996.

**[国際会議議事録 査読有り 非筆頭] (抄録)**

- "Development of a System for the Inference of Large Scale Genetic Networks", Yukihiro Maki, Daisuke Tominaga, Masahiro Okamoto, Shoji Watanabe, Yukihiro Eguchi, Proceedings of Pacific Symposium on Biocomputing 2001 (PSB2001) pp. 446-458, 2001.
- "Towards a System for the Inference of Large Scale Genetic Networks: Efficient Numerical Optimization Algorithm Based on Genetic Algorithm for Inverse Problem", Masahiro Okamoto, Daisuke Tominaga, Nobuto Koga, Yukihiro Maki, Shoji Watanabe, Yukihiro Eguchi, IPSJ Symposium Series, Vol. 2000, No. 5, pp. 29-37, 2000.
- "Toward a Virtual-Labo-System for Metabolic Engineering: Development of Biochemical Engineering System Analyzing Tool-KIT(BEST-KIT)", Masahiro Okamoto, Yoshimitsu Morita, Daisuke Tominaga, Kouji Tanaka, Noriaki Kinoshita, Jun-Ichi Ueno, Yuichi Miura, Yukihiro

ro Maki, Yukihiro Eguchi, Proceeding of Pacific Symposium on Biocomputing '97 (ed. by R.B. Altman, A.K. Dunker, L. Hunter, T.E. Klein, World Scientific, New Jersey, pp. 304-315, 1997.1.

- "Nonlinear Numerical Optimization with Use of a Hybrid Genetic Algorithm Incorporated the Modified Powell Method", Masahiro Okamoto, Taisuke Nonaka, Shuichiro Ochiai, Daisuke Tominaga, Proceedings of International Symposium on Artificial Life and Robotics, pp. 89-92, 1996.

#### **[国内会議議事録 査読なし 筆頭]**

- "概日周期の正規形微分方程式モデルによる解析", 富永大介, 情報処理学会研究報告, Vol.2012-BIO-30, No.6, pp. 1-6, 2012.
- "A symbolic-numeric approach for estimation of kinetic constants in a bi-fan network module from gene expression time series", Daisuke Tominaga, Yasuhito Tokumoto, Masahiko Nakatsui, Fuyan Sun, Jun Miyake, Katsuhisa Horimoto, Proceesings of The 2008 Annual Conference of the Japanese Society for Bioinformatics (JSBi2008), 2008.
- "細胞アレイのための大規模画像処理システムの開発", 富永大介, 堀本勝久, 情報処理学会研究報告, Vol. 2007, No. 21, pp. 57-62, 2007.3.
- "恣意的な判断基準を持たない時系列データの周期性判定法", 富永大介, Paul Horton, 情報処理学会研究報告, Vol. 2006, No. 13, pp. 17-23, 2006.5.
- "タンパク質発現時系列データからの遺伝子量の推定とモデリング", 富永大介, 日本応用数理学会年会講演予稿集, pp. 346-347, 2004.9.
- "生体内ネットワークの構造推定のためのS-systemモデルの構造制限付き最適化", 富永大介, 情報処理学会研究報告, vol. 2003, No. 122, pp. 25-28, 2003.12.
- "生体内反応系のための確率的非線形実数最適化法", 富永大介, 高橋勝利, MPSシンポジウム論文集, Vol. 2003, No. 2, pp. 185-188, 2003.1.

#### **[国内会議議事録 査読なし 非筆頭] (抄録)**

- "Two-wayAIC: マイクロアレイデータに基づく発現量変動遺伝子検出の新手法", 露崎弘毅, 富永大介, 権娟大, 宮崎智, 情報処理学会研究報告, Vol.2011-BIO-27, No.4, pp. 1-6, 2011.
- "不要なパラメータを学習するS-systemを用いた未知経路予測", 菊地進一, 富永大介, 有田正規, 情報処理学会研究報告「数理モデル化と問題解決」, No. 37, pp. 13-18, 2001.11.

#### **[その他 査読なし]**

- "量子計算機の現状と展望", 富永大介, 明治薬科大学研究紀要, 第54号, 2025.
- "Statistical stage transition detection method for small sample gene expression time series data", Daisuke Tominaga, Global Medical Discovery, February 5, 2015.
- "日本のための科学", 富永大介, バイオサイエンスとインダストリー, Vol. 71, No. 3, p. 239, 2013.5.
- "生細胞内で活性化されているパスウェイの推定", 富永大介, 堀本勝久, 徳元康人, 三宅淳, 医福研ニュース, No. 207 別冊, pp. 4-5, 2009.5.
- "Symbolic Computation Approach for Dynamics Gene Regulatory Network Modules", Daisuke Tominaga, Hiroshi Yoshida, Katsuhisa Horimoto, The FEBS Journal Vol. 275 (Special issue for the Joint Symposium of 33rd FEBS Congress and 11th IMBMB Conference), Supplement 1, p. 433, 2008.
- "遺伝子相互の制御関係の自動推定 -多次元非線形実数最適化手法の開発-", 富永大介, AIST Today, Vol. 3, No. 12, 2003.3.

- "Efficient numerical optimization method for inference of interaction network structure", 富永大介, 高橋勝利, Proceedings of the Australian Society for Biochemistry and Molecular Biology, pp. POS-2-017, 2001.10.

## 2. 著書・刊行物

### [共著]

- 富永大介, 荻島創一, 河府和義, 実験の目的に合った検定の選び方・実験計画, バイオ実験に絶対使える統計の基本Q & A, 秋山徹監修, 井元清哉, 河府和義, 藤渕航編集, 2012.10, 羊土社
- 富永大介, 岡本正宏, S-System モデルによるネットワーク推定, 実験医学 別冊 マイクロアレイデータ統計解析プロトコール, 2008.5, 羊土社
- 富永大介, 057遺伝子相互の制御関係の自動推定, 産総研技術開発カタログ 次のヒントはここにある, 独立行政法人産業技術総合研究所編, 2005.3, 丸善プラネット

### [翻訳]

- Andrew P. Beckerman, Dylan Z. Childs, Owen L. Petchey (共著), 富永大介 (翻訳), Rをはじめよう生命科学のためのRStudio入門, 2019.3, 羊土社.

### [編集]

- The 11th World Multi-Conference on Systemics, Cybernetics and Informatics Proceedings, 2007.7, International Institute of Informatics and Systemics

## 3. 学会発表

### [口頭発表 国際 筆頭]

- "Estimation of a virtual active pathway from time series data and metabolic pathway maps", Daisuke Tominaga, Hideo Kawaguchi, Yoshimi Hori, Tomohisa Hasunuma, Sachiyo Aburatani, The 39th annual meeting of the molecular biology society of Japan (MBSj 2016), Yokohama, Japan. (2016.12, Poster)
- "Prediction of gene combinations to produce high performance micro-organisms", Daisuke Tominaga, Kabuki Mori, Sachiyo Aburatani, The 38th annual meeting of the molecular biology society of Japan (MBSj 2015), Kobe, Japan. (2015.12, Oral/Poster)
- "Prediction of gene combinations for optimal transgenics", Daisuke Tominaga, Kazuki Mori and Sachiyo Aburatani, Informatics in Biology, Medicine and Pharmacology 2015 (IIBMP2015), Kyoto, Japan. (2015.10, Poster)
- "RBF network model for combinatorial problems of multiple transgenes", Daisuke Tominaga, Kazuki Mori and Sachiyo Aburatani, Synthetic Metabolic Pathway, Mathematical System Analysis and Design of Bio-inspired System, Joint 14th Symposium of Biochemical Systems Theory (BST2015), Fukuoka, Japan. (2015.9, Oral)
- "Prediction of gene combinations for optimal transgenics", Daisuke Tominaga, Kazuki Mori and Sachiyo Aburatani, GIW/InCoB 2015, Tokyo, Japan. (2015.9, Poster)
- "Multi-omics estimation on comprehensive measurement of gene expression levels to identify stress response pathways", Daisuke Tominaga, Sachiyo Aburatani, HealthInformatics 2015, Valencia, Spain. (2015.7, Oral)
- "Statistical stage transition detection method for small sample gene expression time series data", Daisuke Tominaga, GIW/ISCB Asia 2014, Tokyo, Japan. (2014.12, Poster)
- "Statistical Detection of Stage Transitions in development of Caenorhabditis Elegans", Daisuke Tominaga, The 37th annual meeting of the molecular biology society of Japan (MBSj 2014), Yokohama, Japan. (2014.11, Poster)

- "A Mathematical Approach to Analyze Dynamic Structural Changes of Gene Regulatory Networks", Daisuke Tominaga, Metabolomics 2014, Tsuruoka, Japan. (2014.3, Poster)
- "Effects of Hyper Gravity on Stress Response Pathways in Mouse Brain", Daisuke Tominaga, Sachiko Inubushi, Atsuko Homma, Toshimasa Ochiai, Yoshinobu Ohira, Mitsuhiro Yoshioka, The 34th Annual International Gravitational Physiology Meeting, Toyohashi, Japan. (2013.6, Oral)
- "Analysis of Dynamic Changes of Regulatory Intensities in Gene Networks", Daisuke Tominaga, FSSB'13 (Frontiers in Systems and Synthetic Biology '13), Atlanta, U.S.A. (2013.3, Oral)
- "Estimation of the Optimal Stage Division on Gene Expression Time Series", Daisuke Tominaga, ISCB-Asia/SCCG 2012 (Joint symposium of the International Society for Computational Biology and ShenZhen Conference on Computational Genomics), ShenZhen, China. (2012.12, Poster)
- "An algorithm for the optimal differentiation of stages of gene expression time series", Daisuke Tominaga, Systems Biology: Global Regulation of Gene Expression, Cold Spring Harbor, U.S.A. (2012.3, Poster)
- "Using Bayesian Network for the S-system Network Inference Method to Oscillating Time Series Data", Daisuke Tominaga, Masahiko Nakatsui, The XII International Congress on Molecular Systems Biology, Lleida, Spain. (2011.5, Oral)
- "Optimal modeling method for small sample time series data for detection of state transition of cells", Daisuke Tominaga, SIG-BIO 2010 (The 23rd meeting of the special interest group of bioinformatics, IPSJ), Fukuoka, Japan. (2010.12, Oral)
- "One Stop Detection System for Periodicity on Short Length Time Series Data", Daisuke Tominaga, JSBi 2010 (The annual meeting of Japanese society of bioinformatics), Fukuoka, Japan. (2010.12, Poster)
- "Periodicity detection method for short length time series data", Daisuke Tominaga, Sachiyo Aburatani, BMB 2010 (Joint symposium of the 33rd annual meeting of Molecular Biology Society of Japan and The 83rd annual meeting of the Japanese biochemical society), Kobe, Japan. (2010.12, Poster)
- "Periodicity Detection Method for Small Sampled Time Series Data of Gene Expression Levels", Daisuke Tominaga, CBI 2010 (Chem-Bio Informatics Society annual meeting), Tokyo, Japan. (2010.10, Oral and Poster)
- "Fourier Based Periodicity Detection Method for Short Length Time Series Data", Daisuke Tominaga, Computational Biology Research Center Workshop 2010 (in BiWO (Bioinformatics Week in Odaiba) 2010), Tokyo, Japan. (2010.7, Oral and Poster)
- "Comparison of Detection Methods for Circadian Periodicity of Gene Expression Levels", Daisuke Tominaga, BIT Life Sciences' 2nd Annual World Vaccine Congress 2010, Beijing, China. (2010.3, Poster)
- "Comparison of Fourier Based Methods for Detection of Periodic Gene Expression", Daisuke Tominaga, Asian Young Researchers' Conference on Computational and Omics Biology, Tainan, Taiwan, R. O. C.. (2010.3, Poster)
- "Periodicity judgment based on Bayesian information criterion and discrete Fourier transform", Daisuke Tominaga, Paul Horton, Katsuhisa Horimoto, CBRC 2009, Tokyo, Japan. (2009.12, Poster)
- "A symbolic-numeric approach for estimation of kinetic constants in a bi-fan network module from gene expression time series", Daisuke Tominaga, Yasuhito Tokumoto, Masahiko Nakatsui, Fuyan Sun, Jun Miyake, Katsuhisa Horimoto, The 2008 Annual Con-

ference of the Japanese Society for Bioinformatics (JSBi2008), Toyonaka, Japan. (2008.12, Poster)

- "Analysis of network dynamics including hidden variables by symbolic-numeric approach", Daisuke Tominaga, Yasuhito Tokumoto, Masahiko Nakatsui, Fuyan Sun, Jun Miyake, Katsuhisa Horimoto, The 2nd International Symposium on Optimization and Systems Biology, Lijiang, China. (2008.10, Oral)
- "Symbolic Computation Approach for Dynamics Gene Regulatory Network Modules", Daisuke Tominaga, Hiroshi Yoshida, Katsuhisa Horimoto, The Joint Symposium of 33rd FEBS Congress and 11th IMBMB Conference, Athens, Greece. (2008.6, Poster)
- "Judgment algorithm for detection of periodicity and its application", Daisuke Tominaga, Katsuhisa Horimoto, Moscow Conference on Computational Molecular Biology (MCCMB '07), Moscow, Russia. (2007.7, Oral)
- "Symbolic approach for dynamical analysis of biological network modules", Daisuke Tominaga, Katsuhisa Horimoto, The 11th World Multi-Conference on Systemics, Cybernetics and Informatics, Orlando, U.S.A. (2007.7, Oral)
- "Development of automated image processing procedure for cell-arrays", Daisuke TOMINAGA, Fukumi Iguchi, Yutaka Akiyama, Katsuhisa HORIMOTO, The 11th World Multi-Conference on Systemics, Cybernetics and Informatics, Orlando, U.S.A. (2007.7, Oral)
- "An S-system Application for Mammalian Circadian Clock System", Daisuke Tominaga, Katsuhisa Horimoto, The 17th International Conference on Genome Informatics (GIW 2006), Yokohama, Japan. (2006.12, Poster)
- "Non-Arbitrary Judgment Algorithm for Periodicity of Time Series", Daisuke Tominaga, Paul Horton, The 10th World Multi-Conference on Systemics, Cybernetics and Informatics, Orlando, U.S.A. (2006.7, Oral)
- "Non-arbitrary Judgment Algorithm for Periodicity of Time Series Data", Daisuke Tominaga, Paul Horton, The Fourth Asia Pacific Bioinformatics Conference, Taipei, Taiwan. (2006.2, Poster)
- "Analysis for time-course profiles of transcription arrays", Daisuke Tominaga, 15th International Workshop on Genome Informatics, Yokohama, Japan. (2004.12, Poster)
- "Piccolo: Non-arbitrary periodicity judgment of time-series data based on BIC and DFT", Daisuke Tominaga, Paul Horton, The Pacific Symposium on Biocomputing 2006, Maui, U.S.A. (2006.1, Poster)
- "Non-arbitrary judgment for periodicity of time-series data by an information criterion and discrete Fourier transform", Daisuke Tominaga, Paul Horton, The 16th International Conference on Genome Informatics, Yokohama, Japan. (2005.12, Poster)
- "Non-arbitrary judgment for periodicity of time-series data", Daisuke Tominaga, Paul Horton, International Symposium on Computational Biology Bioinformatics 2005, Tokyo, Japan. (2005.10, Poster)
- "Non-arbitrary judgment for periodicity of time-series data", Daisuke Tominaga, Paul Horton, CBRC 2005 (CBRC Annual Meeting), Tokyo, Japan. (2005.10, Poster)
- "Optimization of S-system models for quantitative time-developing gene networks", Daisuke Tominaga, Paul Horton, MCCMB '05, Moscow, Russia, (2005.7, Oral)
- "Analysis system for gene expression time-series data", Daisuke Tominaga, Beyond the Identification of Transcribed Sequences: Functional, Expression and Evolutionary Analysis -14th International Workshop, Kisarazu, Japan. (2004.10, Poster)
- "Analysis System for Gene Expression Time-series Data", Daisuke Tominaga, 8th International Conference on Molecular Systems Biology, California, U.S.A. (2004.8, Poster)

- "Network Analysis and Data Processing System for Gene Expression Time-series Data", Daisuke Tominaga, 12th International Symposium on Intelligent Systems for Molecular Biology, Glasgow, UK. (2004.7, Poster)
- "Distributed Genetic Algorithm for Inference of Biological Scale-Free Network Structure", Daisuke Tominaga, Katsutoshi Takahashi, Yutaka Akiyama, 5th International Symposium on High Performance Computing, Tokyo, Japan. (2003.10, Oral)
- "Nonlinear numerical optimization algorithm using system dynamics", Daisuke Tominaga, Katsutoshi Takahashi, The VIIth International Symposium for Biochemical Systems Theory, Averoy, Norway. (2002.6, Poster)
- "Inference algorithm for gene regulatory network from time-course data based on real value genetic algorithm", Daisuke Tominaga, Katsutoshi Takahashi, Pacific symposium on biocomputing 2002, Kauai, U.S.A. (2002.1, Poster)
- "Efficient numerical optimization method for inference of interaction network structure", Daisuke Tominaga, Katsutoshi Takahashi, 2nd Pacific Rim Conference on Proteomics, Canberra, Australia (2001.10, Poster)
- "Inference Algorithm for Interaction Mechanism in Genetic Network Using Experimentally Observed Time-course Data", Daisuke Tominaga, Masahiro Okamoto, Yukihiro Maki, Shoji Watanabe, Yukihiro Eguchi, The 2nd International Workshop on Advanced Genomics, Chiba, Japan. (1999, Poster)
- "Nonlinear Numerical Optimization Technique Based on a Genetic Algorithm for Inverse Problem: Towards the Inference of Genetic Networks", Daisuke Tominaga, Masahiro Okamoto, Yukihiro Maki, Shoji Watanabe, Yukihiro Eguchi, German Conference on Bioinformatics '99, Hannover, Germany. (1999, Oral)
- "Design of Canonical Model Describing Complex Nonlinear Dynamics", Daisuke Tominaga, Masahiro Okamoto, The 7th International Conference on Computer Applications in Biotechnology, Osaka, Japan. (1998, Oral)
- "Optimization Method for Nonlinear System Model in Power-law formalism: Towards the Estimation of Large Number of Real valued Parameters for Inverse Problem", Daisuke Tominaga, Masahiro Okamoto, International Symposium on Power-Law Modeling of Biological Systems, Oeiras, Portugal. (1998, Oral)
- "Discovery of Reaction Network Describing Complex Nonlinear Dynamics: Essential Model for Temporal Input-Output Matching", Daisuke Tominaga, Masahiro Okamoto, The 9th Symposium on Chemical Engineering: Kyushu-Taejon/Chungnam, Miyazaki, Japan. (1997, Oral)
- "Discovery of a Skeletal Network Describing Complex Nonlinear Dynamics: Optimized Essential Model for Temporal Input-Output Matching", Daisuke Tominaga, Jun-ichi Ueno, Yuchi Miura, Masahiro Okamoto, Tutorials of the 4th International Conference on Soft Computing (IIZUKA '96), Iizuka, Japan. (1996, Oral)

#### **[口頭発表 国際 非筆頭]**

- "Investigation of placental barrier mechanism against SARS-CoV-2 infection during the second trimester by tandem mass tag system", Kazuhide Takada, Yuichiro Hirata, Ryo Maekawa, Seiya Ozono, Quang Duy Trinh, Yoshinori Takeda, Daisuke Tominaga, Noriko M Tsuji, Hideto Yamada, Tadaki Suzuki, Satoshi Hayakawa, Shihoko Komine-Aizawa, The 44th Annual Meeting of the American Society for Reproductive Immunology, St. Paul, Minnesota, U. S. A (2025.5.17).
- "Roles of IFI6 and G3BP1 in placenta against SARS-CoV-2 infection during the second trimester", Kazuhide Takada, Yuichiro Hirata, Ryo Maekawa, Seiya Ozono, Quang Duy

Trinh, Yoshinori Takeda, Daisuke Tominaga, Noriko M Tsuji, Hideto Yamada, Tadaki Suzuki, Satoshi Hayakawa, Shihoko Komine-Aizawa, The 4th International Symposium of Clinical Immunology, Shizuoka, Japan (2025.5.15).

- "A rapid and noninvasive approach for vascular quantification of 3D blood-brain barrier model", Huiting Zhang, Dong-Hee Kang, Marie Piantino, Daisuke Tominaga, Takashi Fujimura, Noriyuki Nakatani, James Nicholas Taylor, Tomomi Furihata, Michiya Matsusaki, Satoshi Fujita, Microphysiological Systems World Summit, Seattle, U. S. A. (2024.6.10, Poster)
- "Evaluation of protein expression and phosphorylation of SARS-CoV-2-infected placental tissue in the second trimester by tandem mass tag system", Kazuhide Takada, Quang Duy Trinh, Shihoko Komine-Aizawa, Daisuke Tominaga, Noriko M Tsuji, Hideto Yamada, Satoshi Hayakawa, 2nd International Symposium of Clinical Immunology, Kamakura, Japan. (2023.5, Poster)
- "Evaluation of protein expression and phosphorylation of SARS-CoV-2-infected placental tissue in the second trimester by tandem mass tag system", Kazuhide Takada, Quang Duy Trinh, Shihoko Komine-Aizawa, Daisuke Tominaga, Noriko M Tsuji, Hideto Yamada, Satoshi Hayakawa, 1st Asian Congress for Reproductive Immunology (ACRI 2023), Kobe, Japan. (2023.4, Oral)
- "Two-way AIC: Detection of Differentially Expressed Genes from Large Scale Microarray Meta-Dataset", Koki Tsuyuzaki, Daisuke Tominaga, Yeondae Kwon, Satoru Miyazaki, ISCB-Asia/SCCG 2012 (Joint symposium of the International Society for Computational Biology and ShenZhen Conference on Computational Genomics), ShenZhen, China. (2012.12, Oral)
- "Network Inference of Lineage-specific Regulation by PAL-1 in the C.elegans", Sachiyo Aburatani, Daisuke Tominaga, BMB 2010 (Joint symposium of the 33rd annual meeting of Molecular Biology Society of Japan and The 83rd annual meeting of the Japanese biochemical society), Kobe, Japan. (2010.12, Poster)
- "On dynamics estimation from given time-course data using GA and S-system: PEACE1", Shinichi Kikuchi, Daisuke Tominaga, Masanori Arita, Katsutoshi Takahashi, Masaru Tomita, 10th International Symposium on Intelligent Systems for Molecular Biology, Montreal, Canada. (2002.8, Oral)
- "PiKA2: Automated analysis and management system for protein 2D-PAGE images", Katsutoshi Takahashi, Masaki Hara, Daisuke Tominaga, Pacific symposium on biocomputing 2002, Kauai, U.S.A. (2002.1, Oral)
- "Pathway finding from given time-courses using genetic algorithm", Shinichi Kikuchi, Daisuke Tominaga, Katsutoshi Takahashi, International Conference on Genome Informatics, Tokyo, Japan. (2001.12, Oral)
- "Web-based BEST-KIT: Development of Web-based Biochemical Engineering System Analyzing Tool-KIT", Masahiro Okamoto, Jun Yoshimura, Kenji Sakuraba, Tadahiro Shimonobou, Koji Tanaka, Tatsuya Sekiguchi, Daisuke Tominaga, Metabolic Profiling: Pathways in Discovery, North Carolina, U.S.A. (2001.12, Oral)
- "Development of a System for the Inference of Large Scale Genetic Networks", Yukihiro Maki, Daisuke Tominaga, Masahiro Okamoto, Shoji Watanabe, Yukihiro Eguchi, Pacific Symposium on Biocomputing 2001 (PSB 2001), Maui, U.S.A. (2001.1, Oral)
- "AIGNET: Improvement of a System and Application to the Experimentally Observed Expression Data", Yuji Arikawa, Shoji Watanabe, Yukihiro Eguchi, Yukihiro Maki, Daisuke

Tominaga, Masahiro Okamoto, Proceedings of International Workshop on Genome Informatics, Yokohama, Japan. (2000.12, Oral)

- ・ "Efficient Numerical Optimization Algorithm Based on Genetic Algorithm for Inverse Problem: System for the Inference of Genetic Networks", Masahiro Okamoto, Daisuke Tominaga, Nobuto Koga, Yukihiro Maki, Proceedings of 1st International Conference on Systems Biology (ICSB 2000), Tokyo, Japan. (2000.11, Oral)
- ・ "AIGNET: A System That Inferes Large Scale Genetic Networks", Yukihiro Maki, Shoji Watanabe, Yukihiro Eguchi, Daisuke Tominaga, Masahiro Okamoto, International Workshop on Genome Informatics, Yokohama, Japan. (1999.12, Oral)

#### [口頭発表 国内 招待講演]

- ・ "新入生に対する生成系AI利用の指導、実態、将来", 富永大介, 第10回日本医薬品安全性学会学術大会, 新潟 (2024.7.21, オーラル)

#### [口頭発表 国内 筆頭]

- ・ "生命科学におけるデータサイエンス教育のプランニング", 富永大介, SATテクノロジーショーケース2020, つくば (2020.1.24, ポスター)
- ・ "代謝系の動的挙動のモデリングにおける大過剰化合物測定の有無の影響の数理解析", 富永大介, 川口秀夫, 堀良美, 蓮沼誠久, 荻野千秋, 日本分子生物学会年会, 横浜 (2018.11.29, オーラルおよびポスター)
- ・ "二次代謝系の動的特性解析における大過剰化合物測定の有無の影響の数理解析", 富永大介, 川口秀夫, 堀良美, 蓮沼誠久, 荻野千秋, CBI学会2018年大会, 東京 (2018.10.8, オーラルおよびポスター)
- ・ "代謝系の動的特性解析のための速度モデルにおける大過剰化合物の有無の影響", 富永大介, 川口秀夫, 堀良美, 蓮沼誠久, 荻野千秋, 生命医薬情報学連合大会, 鶴岡 (2018.9.19, オーラルおよびポスター)
- ・ "細菌の二次代謝系の動的特性解析における大過剰分子測定の影響", 富永大介, 川口秀夫, 堀良美, 蓮沼誠久, 荻野千秋, 日本薬学会関東支部大会, 東京 (2018.9.15, オーラルおよびポスター)
- ・ "二次代謝系の動的特性解析における大過剰化合物測定の有無の影響の数理解析", 富永大介, 川口秀夫, 堀良美, 蓮沼誠久, 荻野千秋, 油谷幸代, 日本生物工学会年会, 吹田 (2018.9.6, オーラル)
- ・ "時系列データと代謝マップからの実反応経路の推定", 富永大介, 川口秀夫, 堀良美, 蓮沼誠久, 荻野千秋, 油谷幸代, 化学工学会 第82年会, 東京 (2017.3.8, オーラル)
- ・ "物質生産における代謝フローの推定のための微分方程式モデル解析", 富永大介, 川口秀夫, 堀良美, 蓮沼誠久, 荻野千秋, 油谷幸代, 平成2年度 ライフサイエンス分野融合会議・生命工学部会バイオテクノロジー研究会合同研究発表会・講演会, つくば (2017.1.31, ポスター)
- ・ "Prediction of gene combinations for optimal transgenics", Daisuke Tominaga, Kazuki Mori and Sachiyo Aburatani, 生命医薬情報学連合大会2015年大会, 宇治. (2015.9, Oral)
- ・ "遺伝子間制御関係の定量的動的変化の数理モデル解析", 富永大介, 平成26年度 ライフサイエンス分野融合会議・生命工学部会バイオテクノロジー研究会合同研究発表会・講演会, つくば (2015.2.3, ポスター)
- ・ "Statistical stage transition detection method for small sample gene expression time series data", Daisuke Tominaga, 生命医薬情報学連合大会 (IIBMP 2014), Tokyo, Japan. (2014.10, Poster)
- ・ "統計モデルの最適化による線虫の発生におけるステージ進行の解析", 富永大介, BiWO 2012 (Bioinformatics week in Odaiba 2012), 東京 (2012.10.30, オーラルおよびポスター)
- ・ "概日周期の正規形微分方程式モデルによる解析", 富永大介, 情報処理学会平成24年度第30回バイオ情報学研究会, 福岡 (2012.8.9, オーラル)

- ・"細胞の状態遷移検出のための小サンプル時系列データの最適モデリング", 富永大介, 平成23年度 ライフサイエンス分野融合会議・生命工学会バイオテクノロジー研究会合同研究発表会・講演会, つくば (2012.1.31, ポスター)
- ・"An exhaustive combinatorial search for optimal division of gene expression time series", Daisuke Tominaga, BiWO 2011 (Bioinformatics week in Odaiba 2011), 東京 (2012.1.24, ポスター)
- ・"Definition and statistical analysis of stage transition only based on gene expression time series data of early development of *C. elegans*", Daisuke Tominaga, 第35回日本分子生物学会年会, 横浜 (2011.12.13, ポスター)
- ・"Statistical Method to Search for the Optimal Division of Quantitative Time Series Data", Daisuke Tominaga, 日本バイオインフォマティクス学会年会, 神戸 (2011.11.7, ポスター)
- ・"小サンプル時系列データの周期性の判定法", 富永大介, 平成22年度 ライフサイエンス分野融合会議・生命工学会バイオテクノロジー研究会合同研究発表会・講演会, つくば (2011.2.1, ポスター)
- ・"ネットワーク推定のための時系列データ解析システム", 富永大介, 定量生物学の会 第二回年会, 大阪 (2010.1.9, ポスター)
- ・"生細胞内で活性化しているパスウェイの時系列データに基づいた同定法", 富永大介, 徳元康人, 孫富艶, 中津井雅彦, 中川康二, 堀本勝久, 三宅淳, 第4回産業用酵素シンポジウム/FSフォーラム, 東京 (2010.3.9, ポスター)
- ・"遺伝子発現の時系列データからのネットワーク推定システム", 富永大介, 平成20年度 ライフサイエンス分野融合会議・生命工学会バイオテクノロジー研究会合同研究発表会・講演会, つくば (2010.2.4, ポスター)
- ・"ネットワーク推定のための時系列データ解析システム", 富永大介, 定量生物の会第二回年会, 吹田 (2010.1.9, ポスター)
- ・"生細胞内で活性化しているパスウェイの時系列データに基づいた解析", 富永大介, 徳元康人, 孫富艶, 中津井雅彦, 中川康二, 堀本勝久, 三宅淳, 第4回産業用酵素シンポジウム/FSフォーラム～蛋白質科学と産業応用の新しい関係～, 東京 (2009.3.9, ポスター)
- ・"隠れ変数を持つパスウェイ部分構造に対する時系列データに基づく解析", 富永大介, 平成19年度 ライフサイエンス分野融合会議・生命工学会バイオテクノロジー研究会合同研究発表会・講演会, つくば (2009.1.29, ポスター)
- ・"細胞アレイによる時系列データの処理および解析砲の開発", 富永大介, 油谷幸代, 中川康二, 孫富艶, 堀本勝久, 秋山泰, 吉田寛, 阿久津達也, 化学工学会バイオ部会シンポジウム「細胞チップの最前線」, つくば (2007.7.3, ポスター)
- ・"細胞アレイのための大規模画像処理システムの開発", 富永大介, 堀本勝久, 情報処理学会平成17年度第8回バイオ情報学研究会, 大阪 (2007.3, オーラル)
- ・"トランスフェクション・マイクロアレイによる生細胞観察のための大規模全自動画像処理システムの開発", 富永大介, 堀本勝久, 平成18年度 ライフサイエンス分野融合会議・生命工学会バイオテクノロジー研究会合同研究発表会・講演会, つくば (2007.2, ポスター)
- ・"細胞アレイ装置による遺伝子発現時系列の観測とその方法", 富永大介, 生命情報科学研究センターシンポジウム (CBRC 2006), 東京 (2006.10, オーラル)
- ・"細胞アレイ装置のための大規模画像処理技術開発", 富永大介, 生命情報科学研究センターシンポジウム (CBRC 2006), 東京 (2006.10, ポスター)
- ・"恣意的な判断基準を持たない時系列データの周期性判定法", 富永大介, ポール・ホートン, 情報処理学会平成17年度第4回バイオ情報学研究会, 札幌 (2006.2, オーラル)
- ・"遺伝子発現時系列データからの周期性変動抽出の自動化", 富永大介, ポール・ホートン, 平成17年度 ライフサイエンス分野融合会議・生命工学会バイオテクノロジー研究会合同研究発表会・講演会, つくば (2006.2, ポスター)

- ・"情報量基準による遺伝子発現時系列の周期性判定法", 富永大介, ポール・ホートン, 日本分子生物学会第28回年会, 福岡 (2005.12, ポスター)
- ・"遺伝子発現時系列の周期性の有無についての自動判別法", 富永大介, ポール・ホートン, JSBi第一回プロテイン・インフォマティクス in 九州, 福岡 (2005.10, ポスター)
- ・"遺伝子発現時系列の周期性の情報量基準による全自動判定", 富永大介, ポール・ホートン, 産総研生命情報科学人材養成コース, 東京 (2005.9, ポスター)
- ・"ベイズ情報量基準による遺伝子発現時系列の周期性判定法", 富永大介, ポール・ホートン, 第15回日本数理生物学会大会, 横浜 (2005.9, ポスター)
- ・"タンパク質発現時系列データからの遺伝子量の推定とモデリング", 富永大介, 平成16年度ライフサイエンス分野融合会議生命工学部会バイオテクノロジー研究会福祉技術部会福祉技術シンポジウム合同研究発表会講演会, つくば (2005.2, ポスター)
- ・"遺伝子発現の時系列データのための解析法の開発", 富永大介, 3回「産総研 生命情報科学人材養成コース」シンポジウム, 東京 (2004.10, ポスター)
- ・"タンパク質発現時系列データからの遺伝子量の推定とモデリング", 富永大介, 平成16年度日本応用数学会年会, 東京 (2004.9, オーラル)
- ・"遺伝子ネットワークの数理モデルのための自動構造推定アルゴリズムの開発", 富永大介, 平成15年度ライフサイエンス分野融合会議生命工学部会バイオテクノロジー研究会合同研究発表会・講演会, つくば (2004.2, ポスター)
- ・"生体内ネットワークの構造推定のためのS-systemモデルの構造制限付き最適化", 富永大介, 高橋勝利, 情報処理学会数理モデル化と問題解決研究会第47回研究会, 東京 (2003.12)
- ・"遺伝子ネットワークの構造推定のための非線形最適化法", 富永大介, 第2回産総研生命情報科学人材養成コースシンポジウム,"文部科学省科学技術振興調整費振興分野人材養成・バイオインフォマティクス「産総研生命情報科学人材養成コース」", 東京 (2003.10, ポスター)
- ・"システムバイオロジーと遺伝子ネットワークのS-systemモデル", 富永大介, 第26回人工知能学会分子生物情報処理研究会, 東京 (2003.10)
- ・"生体内反応系のための確率的非線形実数最適化法", 富永大介, 高橋勝利, 進化的計算シンポジウム2002, 京都 (2003.1)
- ・"並列計算環境を用いた細胞内生体反応ネットワークの構造推定", 富永大介, ゲノムひろば, 福岡 (2002.11, ポスター)
- ・"Nonlinear numerical optimization method for gene regulatory networks", 富永大介, Bioinformatics in the Post-Genome Era (ポストゲノム時代のバイオインフォマティクス), 東京 (2002.11, ポスター)
- ・"遺伝子ネットワークのモデリングのための多次元非線形実数最適化手法の開発", 富永大介, 産総研生命情報科学人材養成コース設立1周年記念シンポジウム, 東京 (2002.10, ポスター)
- ・"遺伝子間相互作用の同定のための多次元非線形最適化手法の開発", 富永大介, 高橋勝利, ライフサイエンス分野融合会議生命工学部会バイオテクノロジー研究会合同研究発表会・講演会, つくば (2002.2, ポスター)
- ・"遺伝子ネットワークの解明のための数理モデル最適化", 富永大介, 平成14年度ライフサイエンス分野融合会議生命工学部会バイオテクノロジー研究会行動研究発表会・講演会, つくば (2002.2, ポスター)

#### [口頭発表 国内 非筆頭]

- ・"PROGのリテラシーレベルおよび受験状況と学業成績・修学状況との関係", 永井純子, 富永大介, 越前宏俊, 第10回日本薬学教育学会大会, 中野区 (2025.8.23, ポスター)
- ・"保険薬局におけるMPASS（医薬品副作用リスク軽減支援システム）の有用性とその評価", 木下美羽, 菅野敦之, 野口保, 富永大介, 日本薬学会第145年会, 福岡 (2025.3.26, ポスター)
- ・"明治薬科大学薬学科4年生におけるTIPI-Jにより測定されたBig Fiveパーソナリティ特性と学業成績との関連", 永井純子, 富永大介, 越前宏俊, 日本薬学会第145年会, 福岡 (2025.3.26, ポスター)

- ・ "妊娠中期SARS-CoV-2感染胎盤におけるG3BP1の胎盤バリア因子としての検証", 高田和秀, 平田雄一郎, Quang Duy Trinh, 竹田善紀, 富永大介, 辻典子, 鈴木忠樹, 山田秀人, 荒木慶彦, 早川智, 相澤 (小峯) 志保子, 第39回日本生殖免疫学会総会・学術集会, 富山 (2024.12.13, オーラル)
- ・ "GRable Version 1.0: 質量分析によるグライコプロテオーム解析を加速するソフトウェア", 岡谷千晶, 坂上弘明, 藤田晶大, 富岡あづさ, 塩田正明, 富永大介, 木下聖子, 久野敦, 梶裕之, トーゴーの日シンポジウム2024, 東京 (2024.10.5, ポスター)
- ・ "糖タンパク質の部位特異的グライコフォーム解析に資するソフトウェア開発と応用", 岡谷千晶, 富岡あづさ, 富永大介, 坂上弘明, 久野敦, 梶裕之, 第72回質量分析総合討論会, つくば (2024.6.10, ポスター)
- ・ "妊娠中期SARS-CoV-2感染胎盤におけるG3BP1の胎盤バリア因子としての役割", 高田和秀, 平田雄一郎, Quang Duy Trinh, 富永大介, 辻典子, 鈴木忠樹, 山田秀人, 荒木慶彦, 相澤 (小峯) 志保子, 早川智, 第40回日本産婦人科感染症学会学術集会, 東京 (2024.5.25, オーラル)
- ・ "A novel and non-invasive method to quantify the micro vessels of 3D in vitro blood-brain barrier model", Huiting Zhang, Dong-Hee Kang, Marie Piantino, Daisuke Tominaga, Takashi Fujimura, Noriyuki Nakatani, James Nicholas Taylor, Tomomi Furihata, Michiya Matsusaki, Satoshi Fujita, MPS実用化推進協議会第1回学術シンポジウム, 東京 (2023.10.5, ポスター)
- ・ "Rapid quantification of micro-vessels of 3D blood-brain barrier model with optical coherence tomography and deep learning algorithm", Huiting Zhang, Dong-Hee Kang, Marie Piantino, Daisuke Tominaga, Takashi Fujimura, Noriyuki Nakatani, Tomomi Furihata, Michiya Matsuzaki, Satoshi Fujita, 日本動物実験代替法学会 第36回大会, 川崎 (2024.1.31, ポスター)
- ・ "Tandem mass tag system によるSARS-CoV-2感染における胎盤感受性影響因子の探索", 高田和秀, Quang Duy Trinh, 相澤 (小峯) 志保子, 富永大介, 辻典子, 山田秀人, 早川智, 第31回日本胎盤学会学術集会, 福岡 (2023.11.3, オーラル)
- ・ "Tandem mass tag system によるSARS-CoV-2感染胎盤のプロテオーム解析", 高田和秀, Quang Duy Trinh, 相澤 (小峯) 志保子, 富永大介, 辻典子, 山田秀人, 早川智, 第51回日本臨床免疫学会総会, 東京 (2023.10.5, オーラル)
- ・ "OCTを用いた3次元血液脳関門モデルの血管定量化", Huiting Zhang, 富永大介, 中谷徳幸, Piantino Marie, Kang Dong-Hee, 降幡知巳, 松崎典弥, 藤田聡史, 第21回産総研・産技連LS-BT合同研究発表会, つくば (2023.6.12, ポスター)
- ・ "Tandem mass tag system によるSARS-CoV-2感染胎盤のプロテオミクス解析", 高田和秀, Quang Duy Trinh, 相澤 (小峯) 志保子, 富永大介, 辻典子, 山田秀人, 早川智, 第39回日本産婦人科感染症学会, 長崎 (2023.5.20, ポスター)
- ・ "LM-GlycomeAtlas Ver.2.1: レクチンを利用した組織グライコーム・データベースのアップデート", 岡谷千晶, 藤田典昭, 曾我部勇, Kouiti Arakawa, 板倉陽子, 豊田雅士, 安形清彦, 富永大介, 木下フローラ聖子, 久野敦, トーゴーの日シンポジウム2022, オンライン (2022.10.5, ポスター)
- ・ "糖鎖関連データベースの連携強化 (ACGG-DB)", 藤田典昭, 新町大輔, 富永大介, 安形清彦, 岡谷千晶, 成松久, 木下聖子, 久野敦, トーゴーの日シンポジウム2022, オンライン (2022.10.5, ポスター)
- ・ "Glyco-RIDGE法によるマウス組織糖タンパク質の部位特異的N型糖鎖修飾の大規模分析", 岡谷千晶, 富岡あづさ, 助川昌子, 藤田弥佳, 富永大介, 坂上弘明, 久野敦, 梶裕之, 日本プロテオーム学会2022年大会 (JProS2022), 相模原市 (2022.8.10, オーラルおよびポスター)
- ・ "High-throughput screening of antibiotic-resistant genes in an urban river, Kanda River by metagenomic analysis", Chang Xiao, 井手圭吾, 西川洋平, 松永浩子, 富永大介, 竹山春子, 日本農芸化学会2021年度大会, 仙台市 (2021.3.18, オーラル)
- ・ "CRMP2恒常的活性化における脊髄損傷脳病態とトランスクリプトーム解析", 菅野彩佳, 朴文恵, 高橋清文, 松永浩子, 細川正人, 富永大介, 五嶋良郎, 竹山春子, 大島登志男, 第63回日本神経化学会大会, オンライン (2020.9.12, ポスター)

- ・ "Large-scale multi-omics data estimate a potential quorum sensing interaction with mucoid conversion in *Pseudomonas aeruginosa*", Koki Tsuyuzaki, Daisuke Tominaga, Yeon-dae Kwon, Satoru Miyazaki, ゲノムビッグデータによるゲームチェンジ, Tokyo, Japan. (2014.11, ポスター)
- ・ "An Mathematical Model for Phenotypic Scoring of siRNA effect", 上田尚学, 富永大介, 荒木紀子, 吉川智啓, 平成24年度 ライフサイエンス分野融合会議・生命工学部会バイオテクノロジー研究会合同研究発表会・講演会, つくば (2013.2.1, ポスター)
- ・ "siRNA の効果の定量的評価基準のための数理モデル解析", 上田尚学, 富永大介, 荒木紀子, 吉川智啓, 第35回日本分子生物学会年会, 福岡 (2012.12.14, オーラル)
- ・ "Gene expression stage detection in nematode development", Takanori Ueda, Daisuke Tominaga, Noriko Araki, Tomohiro Yoshikawa, 細胞アッセイ技術の現状と将来シンポジウム, 東京 (2012.12.10, ポスター)
- ・ "A Predator-Prey model for RNAi dynamics", Takanori Ueda, Daisuke Tominaga, Noriko Araki, Tomohiro Yoshikawa, 生命医薬情報学連合大会, 東京 (2012.10.14, ポスター)
- ・ "Two-wayAIC: マイクロアレイデータに基づく 発現量変動遺伝子検出の新技术", 露崎弘毅, 富永大介, 権娟大, 宮崎智, 報処理学会平成24年度第32回バイオ情報学研究会, 東京 (2012.9, オーラル)
- ・ "遺伝的アルゴリズムとS-systemを用いた遺伝子ネットワークの動的モデリング法", 菊地進一, 富永大介, 有田正規, 高橋勝利, 富田勝, 人工知能学会分子生物情報研究会, 第21回, 鶴岡 (2002.9, オーラル)
- ・ "2次元電気泳動像自動解析システムの開発", 高橋勝利, 富永大介, 原正樹, 産業技術総合研究所ライフサイエンス分野融合会議・産業技術連携推進会議生命工学部会, つくば (2002.2, ポスター)
- ・ "不要なパラメータを学習するS-systemを用いた未知経路予測", 菊地進一, 富永大介, 有田正規, 富田勝, 数理モデル化と問題解決研究会, 東京 (2001.11, オーラル)

#### 4. 受賞歴

- ・ 2007 SIGBIO Best Paper Award (2007年度バイオ情報学研究会論文賞), Daisuke Tominaga, Fukumi Iguchi, Yutaka Akiyama, Katsuhisa Horimoto, "High-throughput Automated Image Processing System for Cell Array Observations", IPSJ Transactions on Bioinformatics, Vol. 48, No. SIG17 (TBIO 3), 1-8, 2007, December 17, 2008.

#### 5. 特許

- ・ 「細胞画像判定装置、方法、並びにプログラム」, 特願2012-071376 (2012.3.27, 共同出願)
- ・ 「周期判定装置、周期判定方法および周期判定プログラム」, 特許4505589号 (2010.5.14登録)
- ・ "Periodicity judgment apparatus, periodicity judgment method and periodicity judgment program", US\_11/374977 (applied on 2006.3.15)

#### 6. 所属組織内への貢献

##### [産総研内研究ユニット間共同研究]

- ・ 「BBB-OCT 画像における機会学習を用いた三次元形状の自動計量」, 先端フォトニクス・バイオセンシングオープンイノベーションラボラトリ, 2021.10-
- ・ 「細胞・組織情報統合化技術の開発」, セルエンジニアリングRI, (旧ティッシュエンジニアリングRC), ジーンファンクションRL, 糖鎖工学RC, 新炭素材料開発RC, 2003.4-2005.3

##### [産総研内研究運営への貢献]

- ・ 産総研臨海副都心センター広報委員会, 委員, 2011.9 - 2015.3
- ・ ユニットウェブ委員会, 2008.4 - 2015.3
- ・ ユニット主システム担当, 2007.4 - 2015.3

- ・ユニットセキュリティ委員会, 委員, 2006.4 -
- ・産総研臨海副都心センター本館共用ネットワーク委員会, 委員, 2006.4 - 2015.3
- ・産総研臨海副都心センター災害対策本部要員, 安全確認チーム員, 2006.4 -
- ・ユニット独自自衛消防隊消火班, 正班員, 2006.4 - 2015.3
- ・ユニット独自図書委員会, 委員, 2003.4 - 2008.3.
- ・ユニット独自ネットワーク委員会, 委員, 2002.4 - 2003.3.
- ・ユニット独自インフラ委員会, 委員, 2001.4 - 2002.3.

## 7. 社会貢献

### [教育活動]

- ・学校法人早稲田大学 理工学術院, 客員教授 (情報系の生命学, バイオインフォマティクス特論, バイオインフォマティクス演習), 2016.4.1 -
- ・学校法人芝浦工業大学, 非常勤講師 (確率論と情報理論), 2013.4.1 - 2018.3.31
- ・学校法人明治薬科大学, 非常勤講師 (情報処理演習, 情報処理特論), 2012.4.1 -
- ・HPCI戦略プログラムにおける人材養成プログラム, 講師, 2012.4.1 - 2016.3.31
- ・国立大学法人東京大学 大学院新領域創成科学研究科, 非常勤講師, 2011.10.19 - 2013.3.31
- ・学校法人早稲田大学 理工学術院, 客員准教授 (情報系の生命学, バイオインフォマティクス特論), 2009.11.1 - 2016.3.31
- ・学校法人早稲田大学 ITバイオ研究所, 客員研究員, 2009.4.1 - 2014.3.31
- ・国立大学法人東京医科歯科大学 大学院生命情報科学教育部, 非常勤講師, 2008.4.1 - 2012.3.31
- ・文部科学省科学技術振興調整費新興分野人材養成事業, 生命情報科学人材養成コース講師 (コース I および II), 2006.4.1 - 2010.3.31
- ・国立大学法人東京大学 大学院新領域創成科学研究科情報生命科学専攻, 新領域創成科学特別講義講師, 2007.
- ・国立大学法人熊本大学 大学院自然科学研究科, 非常勤講師, 2004.7.1 - 2006.3.31.
- ・学校法人麻生塾 麻生工科専門学校, 非常勤講師 (設計製図コース), 1998.4.1 - 1999.3.31.
- ・学校法人麻生塾 麻生電子ビジネス専門学校, 非常勤講師 (設計製図コース), 1997.4.1 - 1998.3.31.

### [講演]

- ・パスウェイ推定による微生物改変のための多変量解析, "未来へのバイオ技術"勉強会「数理モデルを産業活性化と健康長寿社会実現に直結させる(2)物質・エネルギー生産」, 一般財団法人バイオインダストリー協会, 2014.12.8.
- ・遺伝子発現の時系列解析によるネットワーク解析, "未来へのバイオ技術"勉強会「数理モデルを産業活性化と健康長寿社会実現に直結させる(1)再生医療・創薬支援」, 一般財団法人バイオインダストリー協会, 2014.7.28.

### [所属学会]

- ・American Association for the Advancement of Science (AAAS) 会員, 2007.9 -
- ・社団法人情報処理学会 (IPSJ) バイオ情報学研究会 (SigBio) 会員, 2006 - 現在
- ・International Society for Computational Biology (ISCB) 会員, 2005 - 2009
- ・特定非営利活動法人日本分子生物学会 (MBSJ) 会員, 2006 - 現在
- ・特定非営利活動法人日本バイオインフォマティクス学会 (JSBi) 会員, 2001 -
- ・社団法人情報処理学会 (IPSJ) 会員, 2001 - 現在
- ・社団法人日本人工知能学会 (JSAI) 会員, 2001 - 2009.3

### [国際誌論文原稿の査読] (抄録)

- ・ Bioinformatics (Oxford University Press)
- ・ Biosystems (Elsevier)
- ・ BMC Bioinformatics (BioMed Central)
- ・ Briefings in Bioinformatics (Oxford University Press)
- ・ IEEE/ACM Transactions on Computational Biology and Bioinformatics (IEEE)
- ・ Mathematical Biosciences (Elsevier)
- ・ Frontiers in Physiology (Frontiers Media)

#### **[国内誌論文原稿の査読]**

- ・ IPSJ Transactions on Bioinformatics (情報処理学会論文誌：バイオ情報学, TBIO)
- ・ IPSJ Transactions on Advanced Computing Systems (情報処理学会論文誌：コンピューティングシステム, ACS)
- ・ IPSJ Transactions on Mathematical Models and its Applications (情報処理学会論文誌：数理モデル化と応用, TOM)
- ・ Japan Journal of Industrial and Applied Mathematics (JJAM, 日本応用数理学会)

#### **[国家プロジェクトおよび産業界への貢献]**

- ・ 技術コンサルタント, 東ソー株式会社, 2016.3 - 2021.10.31
- ・ 国際基準に適合した次世代抗体医薬などの製造技術のうち高生産宿主構築の効率化基盤技術の開発に係るもの (次世代治療・診断実現のための創薬基盤技術開発／革新的バイオ医薬品創出基盤技術開発事業), 日本医療研究開発機構からの委託研究, 2014.7 -
- ・ 革新的バイオマテリアル実現のための高機能化ゲノムデザイン技術開発, 経済産業省からの委託研究, 2013.7 -
- ・ 微小重力および過重力環境下における遺伝子発現およびパスウェイ変動の解析, 宇宙創薬協議会, 2012.6 -
- ・ メタノール資化酵母の遺伝子発現解析, 第一三共-産総研ライフサイエンス分野との戦略的アライアンス, 2014.4 - 2015.3.
- ・ ビッグデータ・マイニングにおけるデータ保全, ティーモステクノロジック株式会社との共同研究, 2012.4 - 2013.3
- ・ ヒトiPS細胞誘導ツールシステムの開発, 経済産業省関東経済産業局の平成22年度補正予算事業地域イノベーション創出研究開発事業, 2011.7. - 2012.2
- ・ siRNAの効果の定量的評価基準のための数理モデル解析, 株式会社サイトパスファインダーとの共同研究, 2011.11 - 2013.3
- ・ 細胞アレイ等による遺伝子機能の解析技術開発, NEDO (独立行政法人新エネルギー・産業技術総合開発機構) からの委託研究, 2005.7 - 2010.3

#### **[一般市民社会への貢献]**

- ・ ノモグラムに関するウェブページの公開, 2016.2 -
- ・ 計算尺と指数／対数に関するウェブページの公開, 2012.11 -
- ・ 科学技術計算プログラミングライブラリ GNU Scientific Library リファレンス・マニュアルおよび実装規約の翻訳、およびWWW上への公開, 2005.2.17 -
- ・ グラフ構造可視化ソフトウェア Graphviz/dot マニュアル翻訳およびWWW上への公開, 2004.4.28.
- ・ ウィキペディア編集 (主に確率統計分野), 2007.12 -
- ・ 代数論演算ソフトウェア PARI/GP チュートリアル翻訳およびWWW上への公開, 2004.2.16-
- ・ 統計解析ソフトウェア R FAQ翻訳およびWWW上への公開, 2004.2.16 -
- ・ 市民団体鎌ヶ谷吹奏楽団における小学校、老人福祉施設、市民イベントなどでの演奏活動および小学校における技術指導, 千葉県鎌ヶ谷市内, 2002.3 -

- ・九州工業大学交響楽団賛助, 2001.4 -
- ・市民団体飯塚吹奏楽団における病院、老人福祉施設、市民イベントなどでの演奏活動および中学校、高等学校における技術指導, 福岡県飯塚市内, 1991.5 - 2001.3
- ・九州工業大学交響楽団における小学校、市民イベントなどでの演奏活動, 福岡県飯塚市内, 1991.9 - 2001.3

**[所外各種委員会(学術関係を除く)]**

- ・鎌ヶ谷吹奏楽団技術委員会, 2003.4 - 2007.4., 2015.4 - 2024.4.