



東海大学大学院 医学研究科

教員紹介

領域(医学部組織)
分子生命科学

専門分野キーワード

人類遺伝学、分子進化学、
生命情報学



教員氏名 今西 規
取得学位 博士(理学)
現在の身分 教授
(役職名) (ゲノム多様性解析センター長)
専門分野 人類遺伝学、ゲノム科学、生命情報学
現在の研究課題

- ・迅速かつ高精度な感染症のゲノム診断システムの開発
- ・ウイルス性がんの発症リスク因子の特定と予防法の研究
- ・ヒト遺伝子多型の疾患リスク情報データベース開発
- ・疾患関連遺伝子探索をめざしたデータマイニング研究
- ・ヒト遺伝子の統合データベース構築
- ・HLA のゲノム多様性と疾患に関するデータベース構築
- ・データ識別子を活用した全生命科学データベースの統合化

所属学会 The American Society of Human Genetics、International Society for Computational Biology、日本進化学会、日本分子生物学会、日本オミックス医療学会

研究内容

2012年10月に東海大学医学部に着任し、これまで行ってきた人類遺伝学、ゲノム科学、生命情報学の研究を発展させ、Biomedical Informatics(情報生物医学)分野の研究を展開しています。特に、大規模な計算機を使ったゲノム情報の解析により、ヒトの生物としての多様性や疾患の遺伝要因について研究しています。めざしているのは「ゲノム情報を生かした未来の医療を創る」ことです。

主要論文

1. Hara Y, Imanishi T, and Satta Y (2012) Reconstructing the demographic history of the human lineage using whole-genome sequences from human and three great apes. *Genome Biology and Evolution* **4**(11): 1133–1145.
2. Nagai Y, Takahashi Y, and Imanishi T (2014) VaDE: a manually-curated database of reproducible associations between various traits and human genomic polymorphisms. *Nucleic Acids Research* **43**: D868–72.
3. Mitsuhashi S, Kryukov K, Nakagawa S, Takeuchi JS, Shiraishi Y, Asano K, and Imanishi T (2017) A portable system for rapid bacterial composition analysis using a nanopore-based sequencer and laptop computer. *Scientific Reports* **7**: 5657.
4. Asogawa M, Ohno A, Nakagawa S, Ochiai E, Katahira Y, Sudo M, Osawa M, Sugisawa M, and Imanishi T (2020) Human short tandem repeat identification using a nanopore-based DNA sequencer: a pilot study. *Journal of Human Genetics* **65**: 21–24.
5. Ohno A, Umezawa K, Asai S, Kryukov K, Nakagawa S, Miyachi H, and Imanishi T (2021) Rapid profiling of drug resistant bacteria using DNA-binding dyes and a nanopore-based DNA sequencer. *Scientific Reports* **11**: 3436.

ホームページ URL <http://bmi.med.u-tokai.ac.jp/>