

主な研究課題・発表代表論文

システムバイオインフォマティクス講座（旧衛生学講座）Systems Bioinformatics

研究領域 医療環境統御医学

教授 浅井 義之 Yoshiyuki Asai

Web ページ：<http://sysbioinfo.med.yamaguchi-u.ac.jp/home>

主な研究課題

- ・ インスリン分泌機構、神経回路網情報伝達機構、遺伝子発現調節機構など生理機能のシステムバイオロジーモデルの構築とシミュレーションによる機能理解と創薬などへの応用
- ・ ランダムフォレスト、ディープラーニング、サポートベクターマシンなど人工知能・機械学習解析を用いた罹患リスク・悪化リスクの予測技術や副作用原因役同定技術の開発
- ・ バイオインフォマティクスによる、全ゲノムおよびエクソームシーケンシングデータを用いた疾患原因変異の同定および疾患メカニズムの解明
- ・ バイオインフォマティクスによる、がんに関係する長鎖non-coding RNA (lncRNA)の研究

発表代表論文

1. Kobayashi Y, Watanabe S, Ong ALC, Shirai M, Yamashiro C, Ogata T, Higashijima F, Yoshimoto T, Hayano T, Asai Y, Sasai N, Kimura K. Early manifestations and differential gene expression associated with photoreceptor degeneration in Prom1-deficient retina. *Dis Model Mech.* 14(11), 2021
2. Dotare M, Bader M, Mesrobian SK, Asai Y, Villa AEP, Lintas A. Attention Networks in ADHD Adults after Working Memory Training with a Dual n-Back Task. *Brain Sci.* 10(10), 2020
3. Mihara Y, Maekawa R, Sato S, Shimizu N, Doi-Tanaka Y, Takagi H, Shirafuta Y, Shinagawa M, Tamura I, Taketani T, Tamura H, Abe T, Asai Y, Sugino N. An Integrated Genomic Approach Identifies HOXC8 as an Upstream Regulator in Ovarian Endometrioma. *J Clin Endocrinol Metab.* 105(12), 2020
4. Abe T, Asai Y. Flint: a simulator for biological and physiological models in ordinary and stochastic differential equations. *Journal of Open Source Software*, 5(53), 2331
5. Hayano T. et al. Germline Variants of Prostate Cancer in Japanese Families. *PLoS One*, 11 (10) : e0164233, 2016.
6. Hayano T. et al. Identification of novel exonic mobile element insertions in epithelial ovarian cancers. *Hum Genome Var*, 2:15030, 2015.
7. Asai Y. et al. Databases for multilevel biophysiology research available at Physiome.jp. *Front Physiol*, 6 : 251, 2015.