

生体情報解析部門

氏名	所属	職名	取得学位	専門分野	主な論文・著作・業績
清水 厚志	生体情報解析部門	教授	博士（理学）	ゲノム医学 人類遺伝学 分子生物学	<p>①Sutoh Y, Komaki S, Yamaji T, Suzuki S, Katagiri R, Sawada N, Ono K, Ohmomo H, Hachiya T, Otsuka-Yamasaki Y, Takashima A, Umekage S, Iwasaki M, Shimizu A. Low MICA Gene Expression Confers an Increased Risk of Graves' Disease: A Mendelian Randomization Study. Thyroid. 32:188-195 (2022).</p> <p>②Ohmomo H, Harada S, Komaki S, Ono K, Sutoh Y, Otomo R, Umekage S, Hachiya T, Katanoda K, Takebayashi T, Shimizu A. DNA Methylation Abnormalities and Altered Whole Transcriptome Profiles after Switching from Combustible Tobacco Smoking to Heated Tobacco Products. Cancer Epidemiol Biomarkers Prev. 31:269-279 (2022).</p> <p>③Komaki S, Ohmomo H, Hachiya T, Sutoh Y, Ono K, Furukawa R, Umekage S, Otsuka-Yamasaki Y, Minabe S, Takashima A, Tanno K, Sasaki M, Shimizu A. Evaluation of short-term epigenetic age fluctuation. Clin Epigenetics. 14:76 (2022).</p> <p>④清水厚志, 坊農秀雅編著. 次世代シーケンサーDRY解析教本 改定第2版, 東京:学研メディカル秀潤社, (2019)</p> <p>⑤特許6716143号「名称;脳梗塞発症リスクの予測モデル作成方法および予測方法」</p>
大桃 秀樹	生体情報解析部門	特任准教授	博士 (神経科学)	ゲノム医学 分子生物学 解剖学一般 (含組織学・発生学)	<p>①Ohmomo H, Komaki S, Sutoh Y, Hachiya T, Ono K, Arai E, Fujimoto H, Yoshida T, Kanai Y, Asahi K, Sasaki M, Shimizu A. Potential DNA methylation biomarkers for the detection of clear cell renal cell carcinoma identified by a whole blood-based epigenome-wide association study. Epigenetics Commun. 2:2 (2022)</p> <p>②Ohmomo H, Harada S, Komaki S, Ono K, Sutoh Y, Otomo R, Umekage S, Hachiya T, Katanoda K, Takebayashi T, Shimizu A. DNA Methylation Abnormalities and Altered Whole Transcriptome Profiles after Switching from Combustible Tobacco Smoking to Heated Tobacco Products. Cancer Epidemiol Biomarkers Prev. 31:269-279 (2022).</p> <p>③Komaki S, Ohmomo H, Hachiya T, Sutoh Y, Ono K, Furukawa R, Umekage S, Otsuka-Yamasaki Y, Minabe S, Takashima A, Tanno K, Sasaki M, Shimizu A. Evaluation of short-term epigenetic age fluctuation. Clin Epigenetics. 14:76 (2022).</p> <p>④Komaki S, Ohmomo H, Hachiya T, Sutoh Y, Ono K, Furukawa R, Umekage S, Otsuka-Yamasaki Y, Tanno K, Sasaki M, Shimizu A. Longitudinal DNA methylation dynamics as a practical indicator in clinical epigenetics. Clin Epigenetics. 13:219 (2021).</p> <p>⑤Ohmomo H, Komaki S, Ono K, Sutoh Y, Hachiya T, Arai E, Fujimoto H, Yoshida T, Kanai Y, Sasaki M, Shimizu A. Evaluation of clinical formalin-fixed paraffin-embedded tissue quality for targeted-bisulfite sequencing. Pathol Int. 71:135-140 (2021).</p>

生体情報解析部門

氏名	所属	職名	取得学位	専門分野	主な論文・著作・業績
那須 崇人	生体情報解析部門	助教	博士(医学)	循環器内科学	<p>①Nasu, T., Satoh, M., Ohmomo, H., Shiwa, Y., Komaki, S., Ono, K., Shimizu, A., Taguchi, S., Takahashi, Y., Osaki, T., Morino, Y., Sobue, K., Sasaki, M.: Epigenome-Wide Association Study Identifies a Novel DNA Methylation in Patients With Severe Aortic Valve Stenosis. <i>Circ Genom Precis Med</i>. 2020 ;13(1):e002649. doi: 10.1161/CIRCGEN.119.002649.</p> <p>②Nasu, T., Satoh, M., Hachiya, T., Sutoh, Y., Ohmomo, H., Hitomi, S., Taguchi, S., Kikuchi, H., Kobayashi, T., Takahashi, Y., Osaki, T., Morino, Y., Sobue, K., Shimizu, A., Sasaki, M.: A genome-wide association study for highly sensitive cardiac troponin T levels identified a novel genetic variation near a RBAK-ZNF890P locus in the Japanese general population. <i>Int J Cardiol</i>. 2021 Apr 15;329:186-191. doi: 10.1016/j.ijcard.2020.12.019.</p> <p>③Kikuchi H, Nasu T, Satoh M, Kotozaki Y, Tanno K, Asahi K, Ohmomo H, Kobayashi T, Taguchi S, Morino Y, Shimizu A, Sobue K, Sasaki M. Association between total type I collagen N-terminal propeptide and coronary artery disease risk score in the general Japanese population. <i>Int J Cardiol Heart Vasc</i>. 2022 May 19;41:101056. doi: 10.1016/j.ijcha.2022.101056. PMID: 35620659; PMCID: PMC9127151.</p> <p>④那須崇人：レジデントノート 増刊 Vol.23/No.11 心不全診療パーフェクト シチュエーション別の考え方・動き方を身につけて心不全パンデミックに立ち向かう, 羊土社, 2021/10/10 那須崇人：救急・集中治療 33巻 3号、IABPの導入と管理のポイント</p>