

一宮 尚志

Takashi ICHINOMIYA

所属 Affiliation

岐阜大学大学院連合創薬医療情報研究科・准教授

(医療情報学専攻・生命情報研究領域)

岐阜大学大学院医学系研究科・准教授 (医科学専攻)

United Graduate School of Drug Discovery and Medical Information Sciences, Gifu University; Associate Professor (Field of Biomedical Informatics, Medical Information Sciences Division)

Graduate School of Medicine, Gifu University; Associate Professor (Medical Science)

<p>専門 Research Area</p>	<p>応用数学、ネットワーク理論、バイオインフォマティクス Applied Mathematics, Network Theory, Bioinformatics</p>
<p>研究課題 代表的な研究</p>	<p>① 生命動態の数値モデル化と解析 近年、数値モデルを用いた医学・生物学研究が盛んになりつつある。例えば癌の発生と成長、細胞の持つ体内時計、感染症の疫学研究などである。我々は、様々な生物学的過程について微分方程式を用いてモデル化を行い、その数値構造を調べることを行っている。このような研究から得られた重要な知見は、様々な疾患の理解や治療に役立つものと期待される。</p> <p>② ネットワーク理論を用いた臨床データの解析 ネットワーク理論は現在社会学、工学、生物学などで広く応用されている。しかし、現在のところ医学においてネットワーク理論を応用した研究は少ない。現在、我々はネットワーク理論を用いた臨床データの解析を行い、重篤な症状の発生を事前に予測することに役立つことに挑戦している。</p> <p>③ 遺伝子情報のデータマイニング 次世代シーケンサ技術の発達に伴い、大規模なゲノムデータの解析を診療に用いる時代が到来しつつある。我々は、臨床から得られるゲノムデータを解析すると共に、これらのデータから新たな知見を引き出す新しい技術の開発を目指している。</p>
<p>Main Research Projects</p>	<p>① Mathematical modelling and analysis of dynamical processes in biology Recently, the mathematical modelling has taken an important role in biological and medical research, such as the emergence and development of cancers, circadian rhythm of cells, and epidemics of infectious diseases. Our current concern is the modelling of the dynamics of various biological processes using differential equations. The mathematical analysis of these models will give us important information on the understanding and treatment of these diseases.</p> <p>② Application of network theory for the analysis of clinical data Network theory is now widely used in social, engineering, and biological studies. However, this theory has not been scarcely applied in the field of medical research. We try to apply the network theory for the analysis of clinical data, which leads to the development of early-warning methods for critical symptoms.</p> <p>③ Genome data mining Development of next generation sequencer will lead to the era of genome-based medicine. We aim to analyze the clinical genome data and to develop new data-mining methods suitable for clinical application.</p>
<p>研究業績 (過去5年)</p>	<ol style="list-style-type: none">1. Takashi Ichinomiya, Topological data analysis gives two folding paths in HP35(nle-nle), double mutant of villin headpiece subdomain, Scientific Reports, 12,2719(2022). (IF: 4.380, CS: 6.9) 査読あり2. Takashi Ichinomiya, Ippei Obayashi and Yasuaki Hiraoka. Protein-Folding Analysis Using Features Obtained by Persistent Homology, Biophysical Journal, 118, 12, 2926, (2020). (IF:4.033, CS:6.3) 査読あり3. Naoki Matsumaru, Ryo Hattori, Takashi Ichinomiya, Katsura Tukamoto and Zenichiro Kato. New quantitative method for evaluation of motor functions applicable to spinal muscular atrophy, Brain and Development, 40, 3,172, (2018). (IF:1.961, CS:3.1) 査読あり

外部資金 (過去5年)	1. 平成26年～平成30年度戦略的イノベーション創造プログラム「革新的構造材料」マテリアルズインテグレーション領域・「マテリアルズインテグレーションへの数学的アプローチ」 2. 平成27年～令和3年度戦略的創造研究事業（CRESTタイプ）研究領域「現代の数理科学と連携するモデリング手法の開発」研究課題「ソフトマター記述言語の創造に向けた位相的データ解析理論の構築」（代表：平岡裕章）
略歴	平成5年3月 京都大学理学部卒業 平成7年3月 京都大学大学院理学研究科物理学・宇宙物理学専攻修士課程修了 平成11年3月 京都大学大学院理学研究科物理学・宇宙物理学専攻博士後期課程修了 平成11年4月 日本学術振興会特別研究員 平成14年8月 北海道大学ベンチャービジネスラボラトリー研究員 平成18年8月 北海道大学電子科学研究所研究員 平成20年9月 京都大学理学部グローバルCOE研究員 平成22年4月 科学技術振興機構「さきがけ」専任研究員 平成23年1月 岐阜大学大学院医学系研究科准教授 平成26年3月 岐阜大学大学院連合創薬医療情報研究科・准教授 （医療情報学専攻・生命情報研究領域） 岐阜大学大学院医学系研究科・准教授