

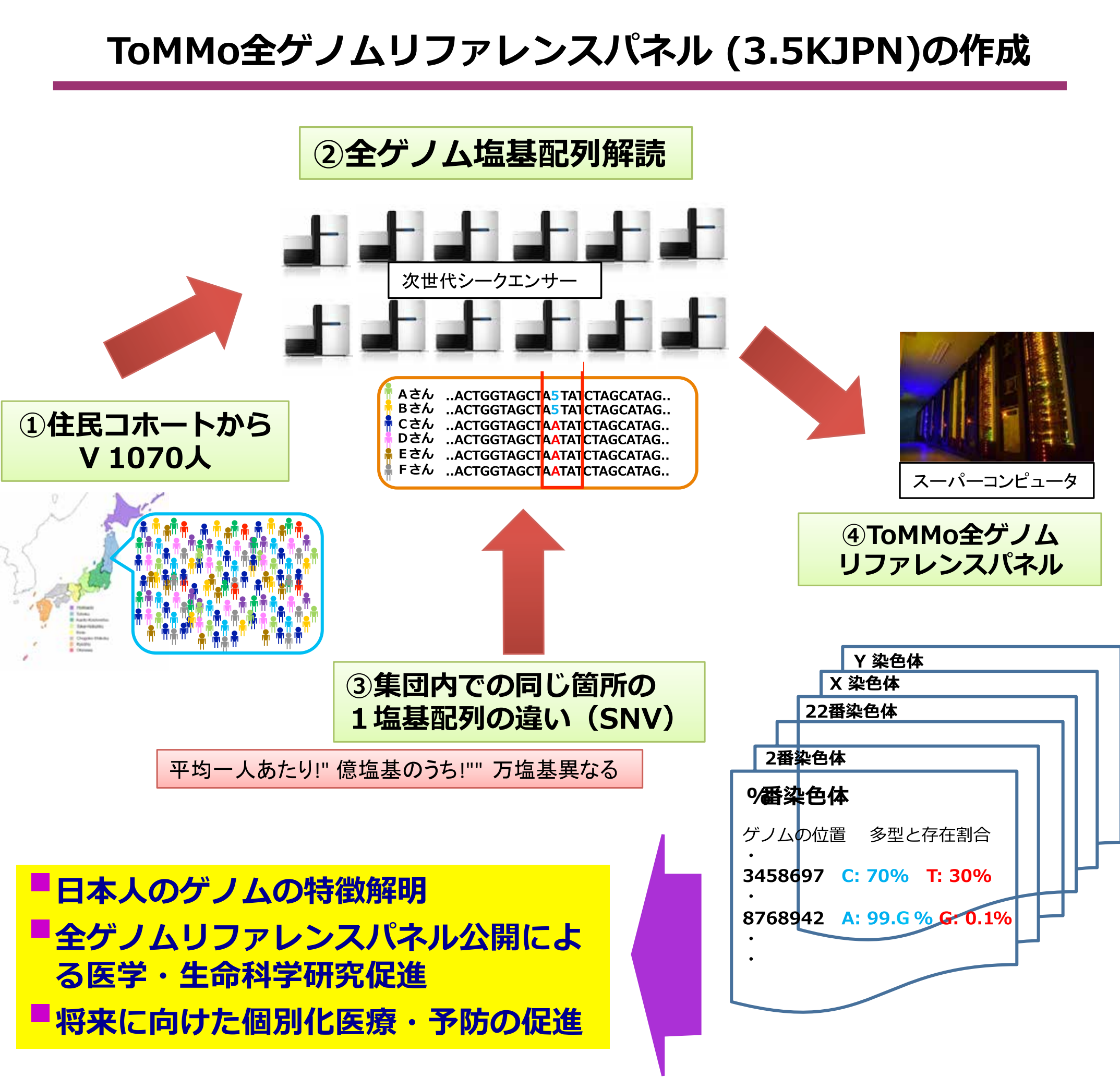
研究スタッフ



教授 長崎正朗 | 准教授 山下理宇 | 講師 小島要

研究目的

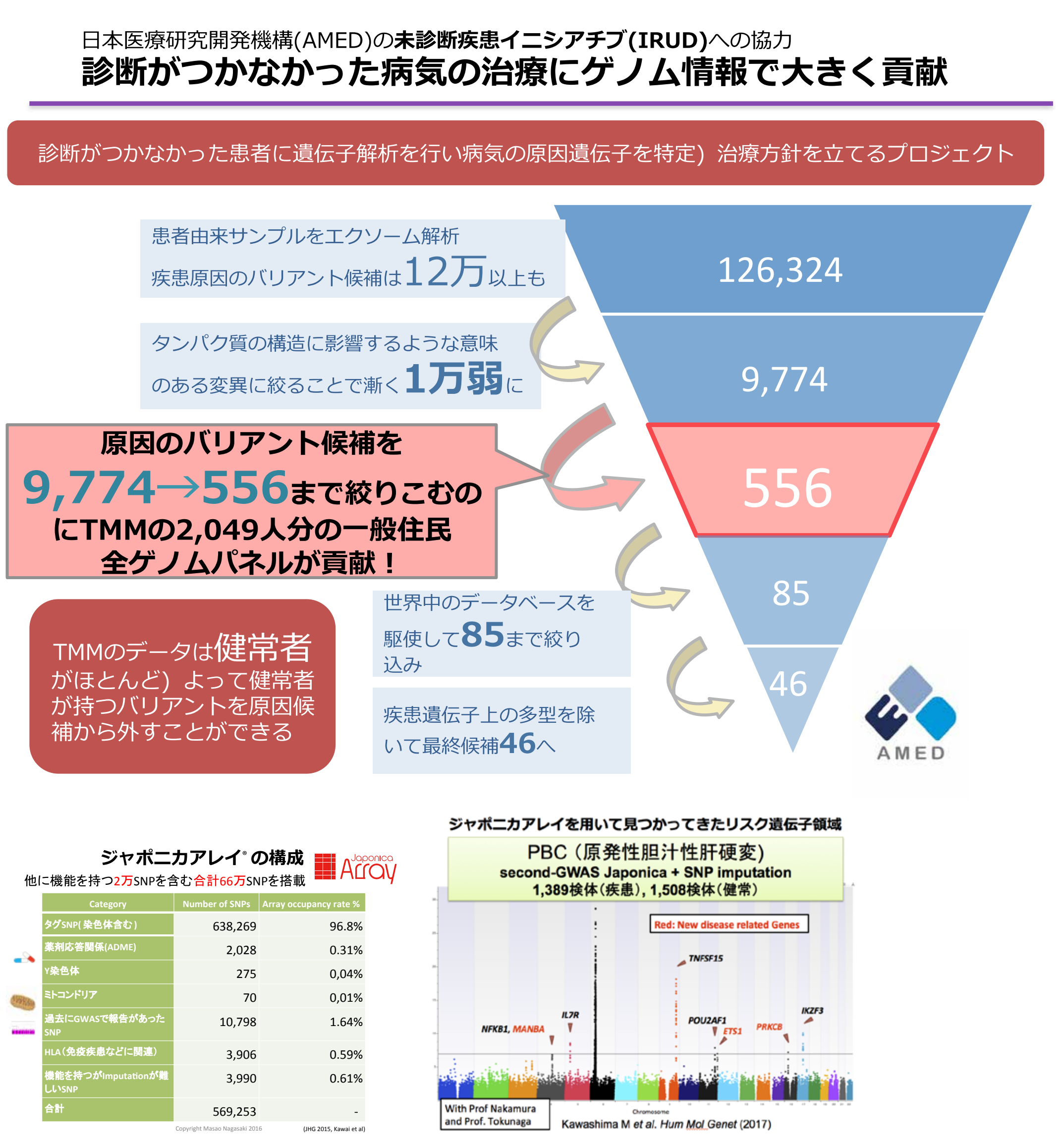
ゲノム情報などライフサイエンス分野における超大規模ヘテロデータに対し、情報科学・数理統計学の知識を基にスーパーコンピュータを駆使して解析を行い、新たな知識を発見する研究を行っています。現在、個々人の少量の血液から簡便に短時間でパーソナルゲノムを決定できます。それに伴い、ゲノムの他、オミクス情報それに付随するバイオメディカル情報（医療情報、画像情報、生理学検査情報）すなわち超ヘテロビックデータを解析する技術革新が求められています。当分野は、情報科学の立場からライフサイエンスへのビッグデータを自在に解析できるデータサイエンティストを育成しています。



主な研究テーマ

大規模ゲノム情報解析による個別化医療、個別化予防に向けた日本人ゲノム情報基盤構築

当研究室所属の東北メディカル・メガバンク機構において、大規模ゲノム情報解析研究チームとして日本人のゲノム情報基盤である、数千人規模の日本人の全ゲノムリファレンスパネル、日本人のカスタムアレイの開発（ジャポニカアレイ）をスーパーコンピュータを用いておこなっています。また、ジャポニカアレイを用いた数万人規模の復元全ゲノムリファレンスパネルの構築を進めています。これらの個別化医療、個別化予防に向けたゲノム情報基盤構築に際し、さまざまなゲノム情報解析技術の開発とソフトウェア開発に取り組んでいます。



バイオメディカル情報（医療画像情報、血液検査情報、その他臨床情報など）
<http://nagasaki.kilab.csml.org>

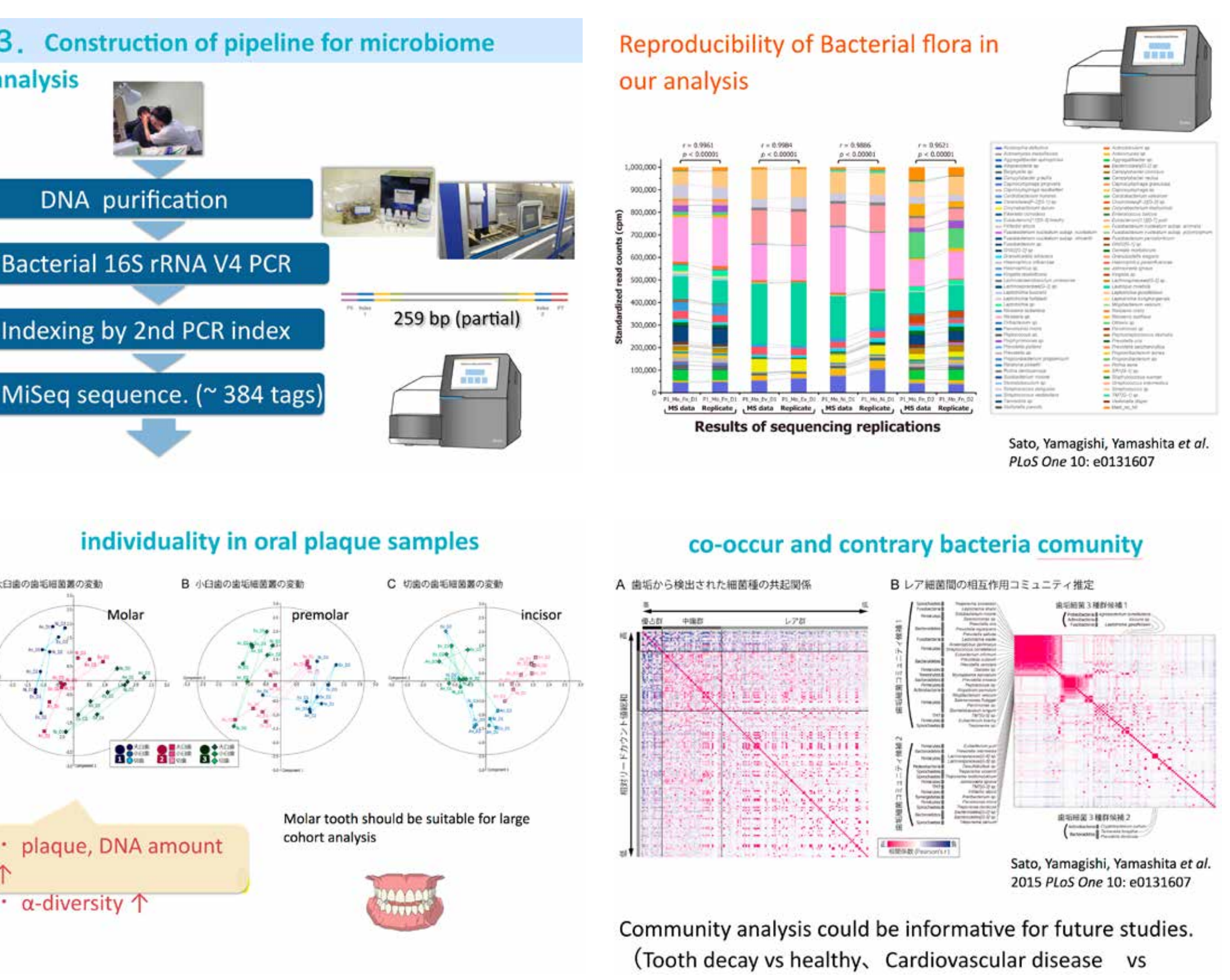
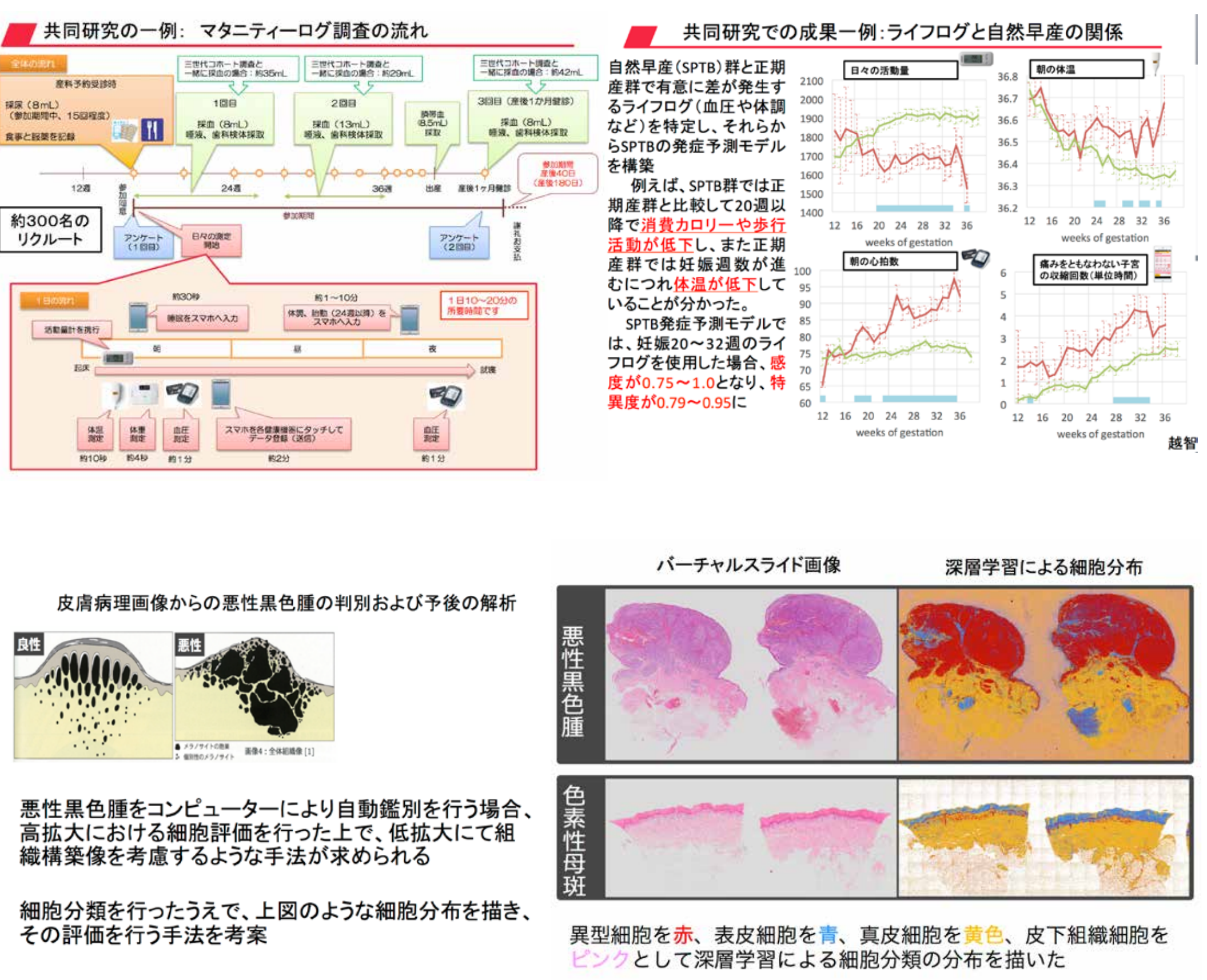
ライフサイエンスにおける超大規模ヘテロデータの大規模情報解析による深層学習と知識発見

ゲノム情報が個人の静的な情報とすると環境をうけて動的に変化するオミクス情報、バイオメディカル情報は動的な情報です。これらの情報はさまざまなパターンの情報から構成されています。当研究室では、これらの情報について、数理統計学、情報科学のアプローチにより知識発見をおこなうことを進めています。また、深層学習にも取り組んでいます。

(例：医療画像からの悪性黒色腫の判別、妊娠高血圧症のライフログからの事前予知、疾患発症に関連する遺伝要因の同定など)

メタゲノム解析による細菌叢解析とその要因の情報科学的な探索

私たちの身近にはたくさんの細菌がおり、例えば、ヒトの口腔内には数百種類の細菌がいます。この細菌が様々な疾患や環境等の影響を受けることが知られています。当研究室では、生体や環境中の試料から DNA を抽出して網羅的な配列決定を行い、そこに存在する生物種を推定するメタゲノム解析という手法を用いて研究を行っています。このような解析には生物学的な知識はもとより、情報学的な知識が不可欠で、アルゴリズムやツールの開発研究も行っています。



産学連携を希望するテーマ例

- ①ゲノム情報解析全般(シーケンス解析、アレイ解析など)
 - ②オミクス情報解析全般(トランスクリプトーム、メタボローム、プロテオーム、メタゲノム情報解析など)
 - ③メディカル情報解析全般(医療画像、検査値情報など)すでに、多数の企業連携実績があります。
- 株式会社 NTT ドコモ(研究代表)/ライフログなどの大規模情報解析の共同研究
株式会社 東芝(研究代表)/ゲノム解析の共同研究、セキュリティ関係の共同研究
NTT セキュアプラットフォーム研究所(研究代表)/セキュリティ関係の共同研究
株式会社 資生堂(分担)/薬剤応答因子の探索の共同研究
参天製薬株式会社(分担)/疾患因子の探索の共同研究

お気軽にご連絡ください。

長崎正朗 nagasaki@megabank.tohoku.ac.jp

バイオメディカル情報解析分野(長崎・山下研究室)
Phone:022-273-6051 <http://nagasaki.csml.org>