

<p>(バイオメディカル情報解析) 長崎 正朗 教授</p> <p>連絡先: nagasaki@bioreg.kyushu-u.ac.jp</p>	<p>研究内容 ヒトゲノムのドラフト配列が公開され20年が経過し、ついにテロメアからテロメアまでをつなぐヒトゲノム完全参照配列が公開されました。その間、ヒトゲノム配列情報の測定機器の進展がめざましく、1つの測定機器で数千人以上のヒト全ゲノム情報を測定できる状況となりました。このようなヒトゲノム情報の測定機器の進展により、国内外を合わせると60万人以上の規模のヒトのゲノムおよび生活習慣に関連するコホート情報を活用できます。このような人個体のマクロな情報に加え、近年、1細胞レベルの時空間レベルでの測定機器などの進展により、ミクロなレベルの高精度大規模情報化もめざましく進展しています。当分野では、このマクロとミクロな双方のレベルの大規模情報に対し、データサイエンスの技術基盤に基づき、クラウド基盤と融合した大規模電算資源を用いて、以下の3つの研究指導と人材育成を柱として推進をしています。</p> <p>指導内容</p> <ul style="list-style-type: none"> ①大規模生命情報解析や最先端の計測機器の手法開発やソフトウェア実装に関連する研究 ②コホート検体や臨床検体等バイオメディカル情報に手法を適用する研究 ③量子計算や大規模言語モデル等のヒトシステム生物学への適用に関する研究 ④次世代のハイブリッド人材育成
<p>Department of Biomedical Information</p> <p>Analysis Professor Masao Nagasaki</p> <p>E-mail: nagasaki@bioreg.kyushu-u.ac.jp</p>	<p>Research Interests Our laboratory leverage data science’s technological foundation, combined with large-scale computational resources integrated with cloud infrastructure, to advance research and talent development in three main areas:</p> <p>Contents of Teaching/ Research Themes</p> <ol style="list-style-type: none"> 1. Large-scale life information analysis, development of cutting-edge measurement techniques, and software implementation 2. Applying methods to biomedical information such as cohort specimens and clinical samples. 3. Applying quantum computing and large-scale language models to human systems biology. 4. Training the next generation of hybrid talents.