

# バイオインフォマティクス・情報生命科学 (尾崎 遼)

## Bioinformatics and Computational biology ( Haruka Ozaki )



OZAKI Haruka, Ph.D.  
Associate Professor  
Bioinformatics, Faculty of Medicine /  
Center for Artificial Intelligence Research,  
University of Tsukuba



E-mail address: haruka.ozaki@md.tsukuba.ac.jp  
URL: <https://sites.google.com/view/ozakilab>

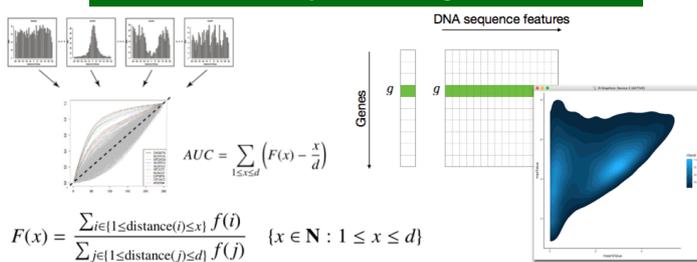
### コンピュータを通して医学生物学の問題を捉え、解明する

大規模計測技術の飛躍的進歩に伴い、ゲノムを始めとした生命の複雑性が大量のデータに変換される時代となりました。一方で、そのような大規模データに隠れた生物学的意味を抽出し、諸課題を解決するには、人類が装備している‘武器’は全く不十分です。そのため尾崎研究室では、情報科学の視点から医学・生物学の問題を捉え、コンピュータや AI を活用して大規模データを解釈する方法論・情報技術に関する研究を行っています。具体的には (1) AI によるゲノム配列の機能の予測・解釈、(2) 大規模生命データの統合解析、(3) シングルセルインフォマティクス、(4) ゲノム進化に取り組みます。また、情報科学や統計科学を駆使した疾患研究などの応用も進めています。

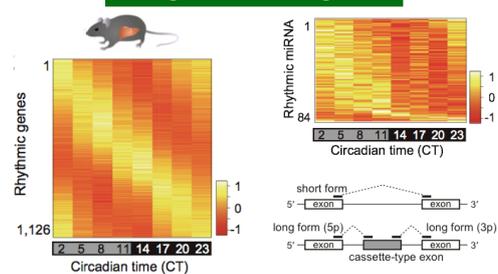
### Think and solve the biomedical problems through computers

Now the massive measurement technologies convert diversities of life, such as genome, into biological big data. However, we human are ‘ill-equipped’ to extract latent biological meanings from the massive data and solve the biomedical problems. Therefore, our lab is developing methods to think the biomedical problems through the informatics point of view and interpret massive data with the help of computers and AI: (1) AI-based prediction and interpretation of functions of genome sequences, (2) Integrative analyses of massive biological data sets, (3) Single-cell informatics (informatics for single-cell omics data), (4) Evolution of genomes and epigenomes. In addition, we apply informatics and statistics to biological and disease research.

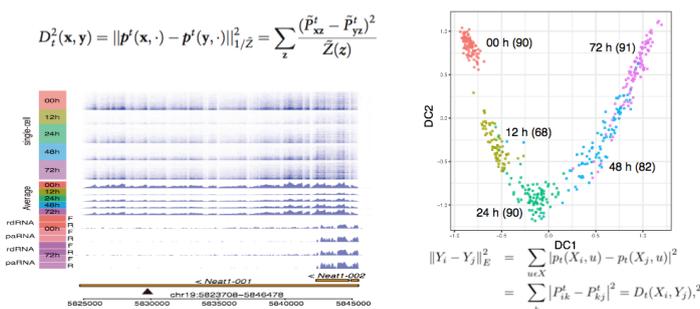
#### Prediction and interpretation of genome functions



#### Biological data integration



#### Single-cell informatics



#### Genome evolution

