

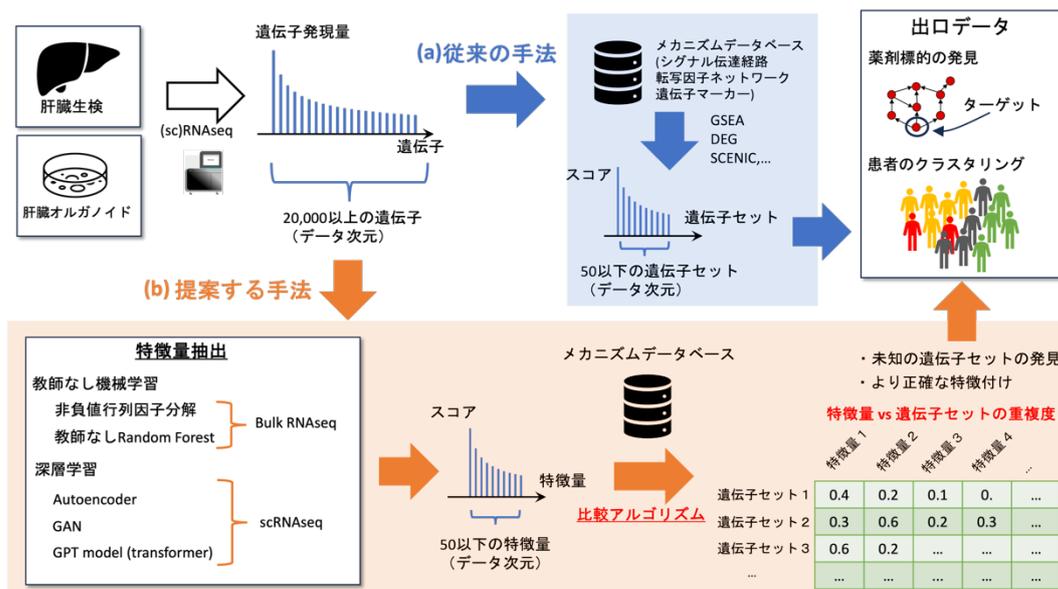
講座名（専門科目名）	統計モデリング	教授氏名	根本 孝裕
学生への指導方針	研究活動を通じてデータ解析やアルゴリズム開発の実践的なスキルを養い、数理・情報科学を医療のさまざまな分野で応用できる人材の育成を目指します。		
学生に対する要望	研究は短期間で成果が得られるものではありませんが、医療への応用を目指して着実に取り組みを重ねていくことが重要です。主体的に能力を高めようとする学生の参加を歓迎します。		
問合せ先	(Tel) 06-6210-8448 (Email) <a href="mailto:nemoto.takahiro.prime@osaka-u.ac.jp">nemoto.takahiro.prime@osaka-u.ac.jp</a>	担当者	根本 孝裕
その他出願にあたっての注意事項等	出願前に一度ご連絡下さい。		

近年の AI 技術の急速な発展により、医学系研究における大規模データ解析の重要性はますます高まっています。私たちの研究室では、医学研究に特化したデータ解析およびアルゴリズムの開発を、*in vitro* から *in vivo* に至るまで複数の階層で行っています。特に、生活習慣病のように環境要因と遺伝要因が複雑に絡み合う疾患に注目し、タンパク質レベルでのネットワーク解析を通じてその病態メカニズムを深く理解するとともに、*in vivo* における病態マーカーとの関連性の解明を目指します。

一方、アルゴリズム開発はデータ解析と密接に関連しており、対象疾患や病態への深い理解、さらにデータ取得者との緊密な連携が不可欠です。当研究室では、主に以下の二つの軸を中心に研究を進めています。

- (i) iPSC 由来ヒトオルガノイド病態モデル、及び医療データを用いて生活習慣病にアプローチする、大阪大学 WPI-PRIME の研究者との密接な共同研究を通じて、対象疾患に対する深い理解を得ることを目指します。
- (ii) 上記の活動を通じて、既存のデータ解析アルゴリズムにおける問題点が自然と明らかになります。それらを改善する新たなアルゴリズムを開発することも、本研究室の重要な活動の一つです。

例えば、MASLD、変形性膝関節症、網膜色素変性症において、共同研究者が生成した病態オルガノイド由来 single cell RNA seq データを解析し、病態メカニズムの分子レベルの解明に貢献するとともに、解析に必要なアルゴリズムの開発も並行して行っています（下図参照）。



過去には、バイオインフォマティクスのパイプライン開発（指向性進化法の解析アルゴリズム）や、疫学データの数理解析に関する研究にも取り組んできました。ご興味のある方は、ぜひ

<https://sites.google.com/view/takahiro-nemoto/research?authuser=0>

もご覧ください。