

ゲノム情報からのビッグデータの解析

松田 秀雄[†]

米国の 1000 ドルゲノムプロジェクトは順調に進展し, 今年 1 月には実際にヒトゲノムを 1000 ドル以下のコストで解読できるシーケンサーが登場しており, 8 月には日本でも民間企業による一般向けの遺伝子検査サービスが始まっている. さらに, 2020 年にはヒトゲノム解読のコストは 1/10 の 100 ドルとなる見通しであり, その時に必要なストレージ容量はエクサバイトを超えると見積もられている. このゲノムビッグデータは, 個別化医療を実現するための基盤となるデータであり, その活用では膨大な組合せのデータ解析が必要となる. 本講演では, ゲノムビッグデータの解析における課題と今後の展望について解説する.

[†]大阪大学 大学院情報科学研究科