

生命システム情報学講座: バイオ情報ネットワーク分野

教授: 阿久津達也

助教: 田村武幸

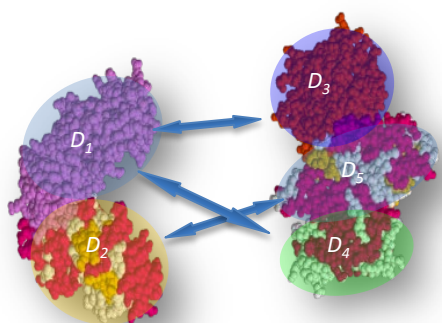
(京都大学 化学研究所 バイオインフォマティクスセンター 数理生物情報研究領域)

生命の構築原理、動作原理の解明

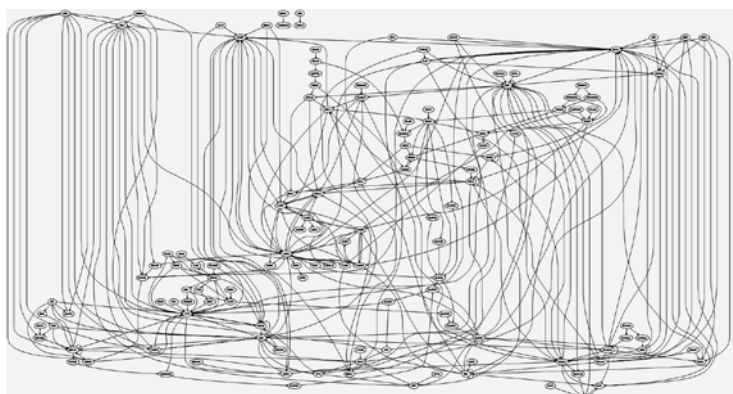
CD-ROM1枚程度に個性の違いまで含めて
人間を再構成できる情報がどのように格納されているのか、
その数理的・情報科学的原理を解明

対象は生物学、アプローチは情報科学・数理学

- 数理的・情報科学的アプローチによるバイオインフォマティクス
- 国内の主要バイオインフォマティクス研究拠点であるバイオインフォマティクスセンター、きれいな研究棟、ゆったりした環境(宇治キャンパス)での研究



タンパク質相互作用予測
手法の開発



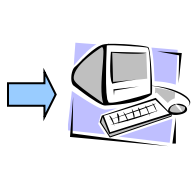
シグナル伝達系のグラフ理論に基づく解析

具体的研究テーマ例

- 生物情報ネットワークを対象とした複雑ネットワーク解析
- 遺伝子ネットワークの解析・制御のための制御理論構築
- グラフ理論とカーネル法に基づく新規化合物設計手法の開発
- 形式文法と数理最適化に基づくタンパク質およびRNA構造予測・相互作用予測
- ニューラルネットワークの離散数理モデル
- 文字列データおよび半構造データ(木構造など)に対するデータマイニング、機械学習、および、高速検索アルゴリズム開発

タンパク質
配列

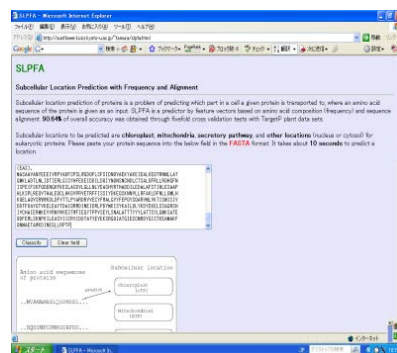
```
gsaqvkggk  
kvdaltnav  
Ahvdhmpnal  
salsdlhahk  
Lrvdpvnfkl  
lshcllvltla  
Ahlpaeftpa  
vha
```



構造クラス



タンパク質配列情報解析手法の開発



タンパク質細胞内局在化予測サーバ