

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 准教授: 田村武幸 助教: 森智弥

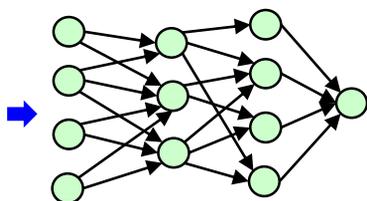
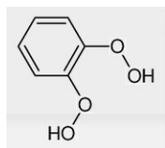
(京都大学 化学研究所 バイオインフォマティクスセンター 数理生物情報研究領域)

生命の構築原理、動作原理の解明

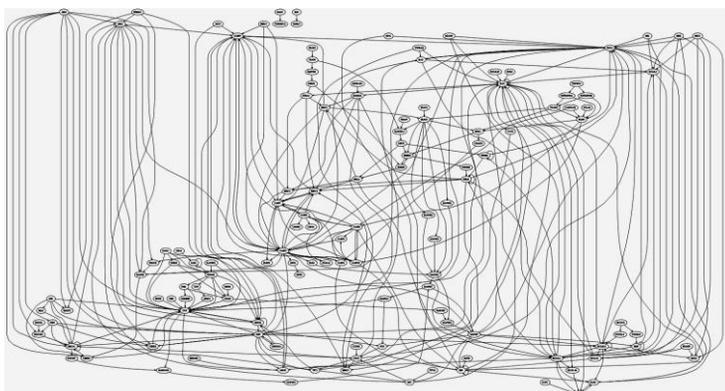
CD-ROM1枚程度に個性の違いまで含めて
人間を再構成できる情報がどのように格納されているのか、
その数理的・情報科学的原理を解明

対象は生物学・化学、アプローチは情報科学・数理学

- 情報科学としての理論と生物学・化学への応用の両面を研究
- 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(生命情報学)
- 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



ニューラルネットワークによる化合物
データの解析・設計



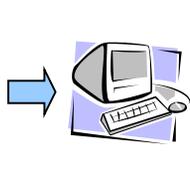
シグナル伝達系のグラフ理論に基づく解析

具体的研究テーマ例

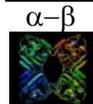
- 生物情報ネットワーク(遺伝子ネットワーク、タンパク質相互作用ネットワーク、代謝ネットワーク)を対象とした複雑ネットワーク解析・制御理論構築
- ニューラルネットワークの離散モデルの理論解析
- ニューラルネットワークを用いた生物・化学情報解析
- 数理最適化による生物情報ネットワーク解析
- 形式文法とグラフ理論に基づくタンパク質およびRNA構造解析
- 文字列データおよび半構造データ(木構造など)に対する離散アルゴリズム、機械学習

タンパク質
配列

```
gsaqvkggk  
kvaldltnav  
Ahvdhmpnal  
salsdlhahk  
Lrvdpvnfkl  
lshcllvtla  
Ahlpaeftpa  
vha
```

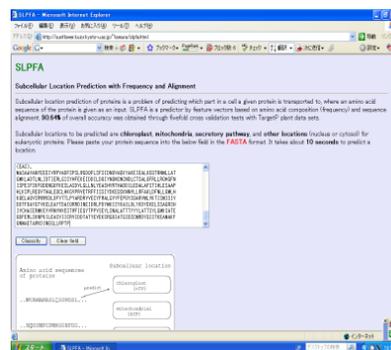


構造クラス



all α

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