

班	氏名	研究テーマ			研究分野			キーワード					用途	
副ラボ長	油谷 幸代	統計モデリングによる相互作用推定	ネットワーク構造推定と評価	新規因果関係推定手法の開発	数理生物学・計算生物学	生命科学・生体臨床医学		遺伝子発現解析	遺伝子機能解析	シミュレーション	データベース		疾患メカニズム	生物機能利用
配列解析 アルゴリズム 班	浜田 道昭	ノンコーディングRNAの機能解明のための情報技術の開発と応用	人工知能技術を用いたRNAアプタマーの創出	生命科学オミクスデータ情報解析技術の開発と応用	コンピューターサイエンス	生化学・分子生物学	医療情報学	遺伝子	DNA	RNA	ゲノム	遺伝子発現解析	疾患メカニズム	ヘルスケア
	フリス マーティン	characterize complex mutations	evolution of repetitive DNA	analyze regulatory DNA	数理生物学・計算生物学	遺伝学・遺伝	コンピューターサイエンス	遺伝子	DNA	RNA	ゲノム	ヒト	診断	疾患メカニズム
	齋藤 裕	機械学習による生体分子設計と機能改変	オミクス情報解析技術の開発		数理生物学・計算生物学			バイオインフォマティクス	機械学習	タンパク質工学	エピゲノム	RNA	バイオものづくり	疾患メカニズム
	曾 超	Ribosome profilingデータを用いた長鎖ノンコーディングRNAの機能解析	RNA-seqデータを用いたRNA細胞内局在のメカニズムの解明		遺伝学・遺伝	生化学・分子生物学	数理生物学・計算生物学	ノンコーディングRNA	リボソームプロファイリング	NGSデータ	細胞内局在		創薬	
	小野口 真広	lncRNAの機能ドメインの探索			生化学・分子生物学	数理生物学・計算生物学	進化生物学	RNA	ゲノム	次世代シーケンサー	遺伝子		疾患メカニズム	
	井内 仁志	オミクスデータを用いた細胞のpseudotime 予測	時系列データ解析アルゴリズムの開発		生化学・分子生物学	進化生物学		ゲノム	生物時計				創薬	
生命機能 解析班	安佛 尚志	共生細菌による宿主昆虫の生殖操作	共生細菌が昆虫に付与する新規機能	昆虫-共生細菌間の遺伝子水平転移	バイオテクノロジー・応用微生物学	生化学・分子生物学	農学	遺伝子	DNA	生体分子			創薬	
	富永 大介	ネットワーク構造とそのダイナミクスの解析	代謝流量と遺伝子発現解析による微生物改変	小サンプルビッグデータの解析技術の開発	生化学・分子生物学	数理生物学・計算生物学	コンピューターサイエンス	生物資源	代謝物	微生物	シミュレーション	遺伝子発現解析	バイオものづくり	生物機能利用
	宮崎 亮	クローン細胞集団における遺伝子発現の不均一性の解析	細胞集団における不均一性を利用・制御した応用技術の開発	細胞集団における不均一性の進化的意義の解明	微生物学	進化生物学	遺伝学・遺伝	微生物	遺伝子発現解析	共生	ゲノム	細胞	環境	生物機能利用
	古藤 日子	社会環境に依存した個体の生存維持機構解明	アリの行動制御基盤の解明	社会性昆虫と微生物間相互作用に関する解析	神経科学・神経学	細胞生物学	昆虫学	昆虫	脳・神経	行動計測	恒常性	ストレス	環境	生物機能利用
	玉野 孝一	カビの組換えと培養改良による物質生産向上	カビのプロモーター機能改良	カビのオミクス解析	バイオテクノロジー・応用微生物学	生化学・分子生物学	微生物学	微生物	代謝物	脂質	ゲノム	遺伝子発現解析	バイオ医薬品	バイオものづくり
	安武 義晃	タンパク質の構造機能解析	タンパク質の機能改変、高機能化	タンパク質利用技術の開発	生化学・分子生物学	生物物理学	バイオテクノロジー・応用微生物学	タンパク質	DNA	微生物	立体構造解析	薬剤耐性	バイオものづくり	創薬
	西川 洋平	単一細胞ゲノム解析技術の開発	環境中の難培養微生物のゲノム解析		バイオテクノロジー・応用微生物学	微生物学	工学	ゲノム	微生物	マイクロバイオーム	デバイス	DNA	疾患メカニズム	創薬