

JST CRESTバイオDX領域 2025年度中間報告シンポジウム ポスター発表一覧

●：各課題の進捗報告発表（研究代表者名を記載）、無印：研究参加者からの発表（発表者名を記載）

ルーム名	ポスター番号	代表者名／発表者名	所属	チーム名		課題名
土星	2	信夫 愛	大阪大学 ヒューマン・メタ パス疾患研究拠点	岡田T	泰地G	Towards an Integrated Workflow Linking Molecular Dynamics and Cellular Modeling in Oncogenic EGFR Mutations
	3	●岡田 眞里子	大阪大学 蛋白質研究所	岡田チーム		自然言語処理とシミュレーションによる細胞制御探索法の構築
	4	●荒牧 英治	奈良先端科学技術大学院大学 先端科学技術研究科	荒牧チーム		リアルワールドテキスト処理の深化によるデータ駆動型探索の現在地
	5	小玉 直樹	東京理科大学 創域理工学部	木賀T	宮崎G	強化学習と大規模言語モデルを組み合わせた論文分類手法の提案
	6	●木賀 大介	早稲田大学 理工学術院	木賀チーム		ありえた生体高分子ネットワークを創出するBioDOSの構築
	7	●二階堂 愛	理化学研究所 最先端研究プ ラットフォーム連携 (TRIP)	二階堂チーム		ゲノムレジリエンス破綻の理解と未来予測
	8	光山 統泰	産業技術総合研究所 人工知能 研究センター	二階堂T	光山G	RamDA-seq自動化とリアルタイムソフトウェア
	9	林 哲太郎	理化学研究所 生命機能科学研 究センター	二階堂T	二階堂G	Shin-RamDA-seq: 1細胞・1塩基解像度で転写とゲノム構造変異を計測する技術
	10	●石井 純	神戸大学 大学院科学技術イノ ベーション研究科	石井チーム		データ駆動型の次世代微生物進化育種
	11	浅間 梨々花	神戸大学 大学院科学技術イノ ベーション研究科	石井T	石井G	データ駆動に資するGPCR型高速代謝物評価センサの開発と微生物育種
	12	●森 秀人	大阪大学 ヒューマン・メタ パス疾患研究拠点	森チーム		対話型AIを用いたDNA配列設計・合成の自動化
	13	●柚木 克之	理化学研究所 生命医科学研究 センター	柚木チーム		データ駆動進化医学で解く季節性うつと冬眠の代謝基盤
	14	●黒田 公美	東京科学大学 生命理工学術院	黒田チーム		育児DX：ウェアラブルシステム開発による乳児夜泣き制御と入眠予測
	15	小坂田 拓哉	東京科学大学 生命理工学術院	黒田T	黒田G	乳児が母への愛着を示す際の脳内制御基盤の解析
	16	●東樹 宏和	京都大学 生命科学研究所	東樹チーム		多種生命システムの安定化と機能最適化を実現する融合科学の創生
	木星	17	菅原 弘貴	慶應義塾大学 理工学部	伊川T	舟橋G
18		三藤 彩花	慶應義塾大学 理工学部	伊川T	舟橋G	精子形成における階層間の相互作用を考慮したマウス精巣マルチモーダルデータ解析
19		鈴木 みく	慶應義塾大学 理工学部	伊川T	舟橋G	培地組成の最適化に向けた小型ロボットアームによる自律実験システムの構築
20		●井ノ口 馨	富山大学 学術研究部	井ノ口チーム		多階層の神経活動データ駆動による睡眠脳機能の解明
21		●井上 圭一	東京大学 物性研究所	井上チーム		AIが先導するオートメーションタンパク質工学の創出
22		今野 雅恵	東京大学 物性研究所	井上T	井上G	タンパク質設計を高効率化する微生物ロドプシン変異体自動作製基盤の開発
23		森倉 峻	慶應義塾大学 理工学部	伊川T	舟橋G	情報プロービングに基づく深層学習の自律的設計基盤
24		比企 佑介	慶應義塾大学 理工学部	伊川T	舟橋G	in vivoデータに対する低精度を克服する動的な遺伝子制御ネットワーク推定アルゴリズムの開発
25		金澤 帝知	慶應義塾大学 理工学部	伊川T	舟橋G	マウス胚の出生予測のための4次元ラベルフリー顕微鏡画像セグメンテーション手法の開発
26		橋本 大輔	東京大学 物性研究所	井上T	井上G	AI-ロボット協働システムによるCapChR2機能最適化
27		仲村 岳真	東京大学 大学院工学系研究科	井上T	田端G	大腸菌の細胞内Ca ²⁺ 濃度に見られる多様性の解析
28		●山東 信介	東京大学 大学院工学系研究科	山東チーム		データ駆動型サイエンスによる中分子細胞膜透過性の創製
29		●浅井 潔	東京大学 大学院新領域創成科 学研究科	浅井チーム		生物情報アーカイブを活用した深層生成モデルによるmRNA最適設計技術
30		橋谷 文貴	名古屋大学 大学院理学研究科	浅井T	阿部G	効率的なmRNA配列設計を探索する評価系構築
31		戴 伝凱	東京科学大学 生命理工学術院	浅井T	佐藤G	拡散モデルによる転写指標およびコドンの統合制御のmRNA生成手法
32		新海 創也	理化学研究所 生命機能科学研 究センター	落合T	新海G	3Dゲノム構造データの3次元空間内での数値補完と統合可視化手法の開発
33		●落合 博	九州大学 生体防御医学研究所	落合チーム		マルチモーダル時空間統合オミクス解析による哺乳類細胞運命制御基盤の理解
34		●須田 互	理化学研究所 生命医科学研究 センター	須田チーム		試料採取自動化と高解像度時系列解析による腸内微生物-宿主のクロストーク解明
35		●伊川 正人	大阪大学 微生物病研究所	伊川チーム		機械学習を用いた精巣組織培養の自動最適化による精子形成の理解
36		●三上 秀治	北海道大学 電子科学研究所	三上チーム		高速・高次元閉ループ光計測技術の確立と神経科学への応用