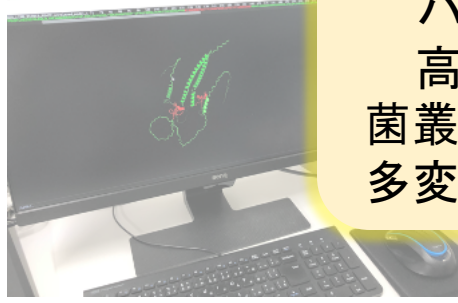
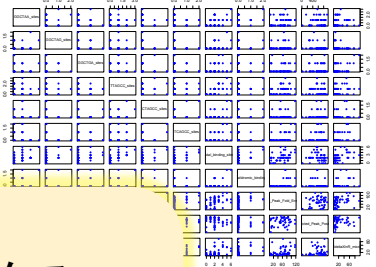
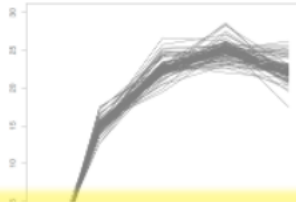


微生物・植物を対象としたビッグデータ解析を通して、 生物資源の効率的な利活用を目指す研究を行っています。

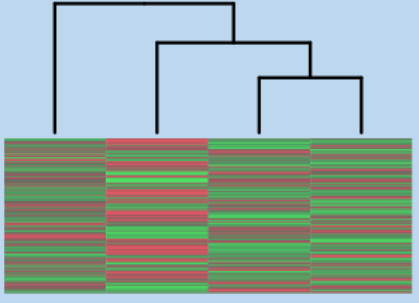
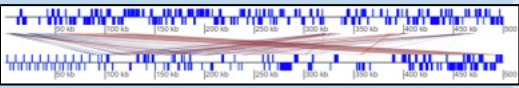
```

while file_number == 21:
    file_number_str = str(file_number)
    "Data = file_number_str + ".csv"
    # f = pd.read_csv("Data/" + file_number_str + ".csv", header=1)
    # f_a = f[[0:1]]
    col = len(f_a.columns)
    temp_list_list = []
    for i in list(range(0, col)):
        temp_list_append(i+1, f_a.iloc[0, i])
    temp_list_list.append(temp_list_append)
    temp_list_list = []
    for j in list(range(0, col-2)):
        if temp_list_list[i] != temp_list_list[j+1]:
            temp_move_list_append(i+temp_list_list[j])
        else:
            str(temp_list_list[j+1]), temp_move_list_append(i+temp_list_list[j])
    temp_move_count_list = move_number(temp_move_list)
    move_number = set(temp_move_list)
    print(temp_move_count_list)
    file_names_move("Data/" + file_number_str + ".move_count_list")
    temp_total_move_list = temp_move_list + temp_move_list
    
```

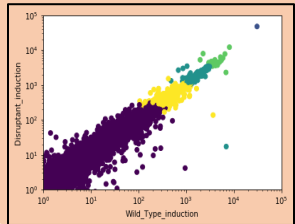


Keywords
 バイオインフォマティクス
 高速DNAシーケンシング
 菌叢解析 発現変動解析
 多変量解析 機械学習

シーケンシングデータの 大規模比較解析



転写制御機構の 網羅的解析



微生物組成構造の 評価

