

## 研究報告 2020-BIO-64

※Windowsの方は[Ctrl]キーを, Macの方は[option]キーを押しながらリンク先をクリックしてください.

12月7日(月)

■[9:30-10:35]

- (1) [大規模タンパク質データベースに基づくBERTを用いたペプチド結合予測](#)  
玉木 竜二, 農見 俊明, 佐藤 堯彰, 井上 誠一, 貞光 九月, 坂口 誠, 天満 昭子, 中神 啓徳
- (2) [深層学習を用いた酵素機能予測法の開発](#)  
川崎 悠二, 里村 和弘, 長田 直樹, 遠藤 俊徳
- (3) [注意機構付き LSTM によるウイルスとヒトタンパク質間相互作用の予測](#)  
築山 翔, Md. Mehedi Hasan, 藤井 聡, 倉田 博之

■[10:45-11:40]

- (4) [確率的可制御性解析による脳老化における重要タンパク質の同定](#)  
山口 英実, 阿久津 達也, ナチエル ホセ
- (5) [Elementary flux mode 型代謝経路の化学量論的な代謝ネットワーク構造の算出: 算出されたネットワーク構造間の異同判定の高速化](#)  
太田 潤
- (6) [代謝経路制御における被制御頂点の分析](#)  
新沢 夢斗, 阿久津 達也, ナチエル ホセ

■[13:00-14:20]

- (7) [膜翅目の多様性に影響を与えた遺伝子重複進化の解析](#)  
津田 康太朗, 里村 和浩, 長田 直樹, 遠藤 俊徳
- (8) [組織特異的な遺伝子発現に影響を与えた転移因子の同定](#)  
島野 桂伍, 里村 和浩, 長田 直樹, 遠藤 俊徳
- (9) [線虫の細胞核の時系列データの HDP-HSMM を用いた分節化](#)  
中谷 圭志, 遠里 由佳子
- (10) [テンソル分解を用いた教師無し学習による変数選択法による miRNA/mRNA/プロテオームの統合解析](#)  
田口 善弘

■[14:35-15:35] 招待講演

- (11) [行列・テンソル分解を用いた異種バイオデータ統合解析の数理](#)  
露崎 弘毅