

研究報告 2022-BIO-69

※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.

3月10日(木)

(13:00~18:15)

- (1) [腎臓明細胞癌の miRNA 指標のテンソル分解による解析](#)
田口 善弘, 呉 家樂
- (2) [機械学習を用いた蛋白質のリガンド結合部位の形状を考慮した 3 次元形式の化合物の生成手法の開発](#)
村田 翔太郎, 安尾 信明, 関嶋 政和
- (3) [クラス A G タンパク質共役受容体専用エンコーダを用いたタンパク質-化合物相互作用予測](#)
山根 永暉, 石田 貴士
- (4) [適用領域を考慮した薬剤標的親和性予測](#)
杉田 駿也, 大上 雅史
- (5) [In silico drug design by Molecular Generative Model and Docking](#)
Dian Ma, Nobuaki Yasuo, Masakazu Sekijima
- (6) [機械学習によるタンパク質のアポ構造からホロ構造の予測手法の開発](#)
李明暉, 安尾 信明, 関嶋 政和
- (7) [Gapmer 型 ASO におけるオフターゲット効果のリスク評価手法の提案](#)
玉野 史結, 伊澤 和輝, 柳澤 溪甫, 大上 雅史, 秋山 泰
- (8) [結合エネルギーを考慮したゲノムワイドな高速短鎖核酸配列検索手法の開発](#)
山崎 眞拓, 伊澤 和輝, 平田 稜, 柳澤 溪甫, 大上 雅史, 秋山 泰
- (9) [Defecation Prediction System Using Bowl Sound](#)
Soki Marumoto, Takatomi Kubo, Makoto Tada, Kazushi Ikeda
- (10) [Elementary flux mode 型経路の化学量論的な代謝ネットワーク構造における非分岐直鎖部分構造](#)
太田 潤
- (11) [グラフニューラルネットワークを用いたメタゲノムアセンブリのためのノードクラス分類](#)
新村 光輝, 清水 佳奈
- (12) [エンハンサー・プロモーター間相互作用予測問題に対する負例生成手法の提案](#)
古賀 吏, 丸山 修

- (13) [埋め込みベクトルによる CpG アイランドのメチル化状態予測](#)
成田 浩規, Au Yeung Wan Kin, 佐々木 裕之, 丸山 修

3月11日(金)

(9:00~12:10)

- (14) [KampoDB をより使いやすくするための大幅更新](#)
奥 牧人
- (15) [フラグメント化された化合物立体構造データベースの構築](#)
稲垣 雅也, 柳澤 溪甫, 大上 雅史, 秋山 泰
- (16) [新たなデータセットによる長距離フラグメントリンク手法の再評価](#)
津嶋 佑旗, 柳澤 溪甫, 大上 雅史, 秋山 泰
- (17) [任意の分子を出発点とするグラフベースの分子最適化手法の開発](#)
恵利川 大樹, 安尾 信明, 関嶋 政和
- (18) [機械学習による化合物の逆合成解析可能性予測手法の開発](#)
小澤 真実, 安尾 信明, 関嶋 政和
- (19) [Attention 機構ベースの深層学習によるヒト-ウイルスタンパク質間相互作用予測手法の提案](#)
築山 翔, 倉田 博之
- (20) [RCGAToolbox: 動力学モデルのパラメーター推定のための実数値遺伝的アルゴリズムソフトウェア](#)
前田 和勲, Fred C. Boogerd, 倉田 博之