

研究報告 2020-BIO-61

※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12日(木)

- (1) [Sp1を標的としたHBVウィルスの新規阻害剤の探索](#)
早川 路代, 梅山 秀明, 岩舘 満雄, 田口 善弘, 村上 善基
- (2) [デング熱ウイルス感染経過データに対する動的ネットワークバイオマーカー解析の適用](#)
村田 健哉, 春木 孝之, 吉田 泰彦, 奥 牧人, 小泉 桂一, 門脇 真
- (3) [マルチノード・マルチ GPU 上での網羅的なタンパク質間相互作用予測の高速化](#)
渡辺 紘生, 大上 雅史, 秋山 泰
- (4) [共通な部分構造の再利用による高速なタンパク質リガンドドッキング手法の開発](#)
久保田 陸人, 柳澤 溪甫, 吉川 寧, 大上 雅史, 秋山 泰
- (5) [二次元分子記述子を用いた機械学習による環状ペプチドの細胞膜透過性予測](#)
村田 翔太郎, 山田 雄太, 吉川 寧, 大上 雅史, 秋山 泰
- (6) [分岐を考慮した時系列シングルセルデータのアラインメント](#)
杉原 礼一, 加藤 有己, 森 智弥, 河原 行郎
- (7) [遺伝子発現データからの新しい因果推論手法の検証](#)
樋口 千洋

3月13日(金)

- (8) [フローサイトメトリーデータ解析ための方向制限付きアースムーバー距離の効率的な計算法](#)
奥 牧人
- (9) [対称性のある代謝産物を通る elementary flux mode 型代謝経路の完全原子レベルマッピング](#)
太田 潤
- (10) [圧縮アミノ酸を利用した二段階のシード探索によるメタゲノム配列相同性検索の改良](#)
高畠 和輝, 伊澤 和輝, 秋川 元宏, 大上 雅史, 秋山 泰
- (11) [モンテカルロ木探索を用いた有機低分子化合物誘導体生成手法の開発](#)
恵利川 大樹, 安尾 信明, 関嶋 政和

(12) [Genome Identifier: 微生物ゲノム配列用系統解析ツール](#)
堀池 徳祐, 下山 祐紀

(13) [自己補充型代謝サイクルの閾値応答](#)
倉田 博之