

研究報告 2021-BIO-68

※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.

11月30日(火)

■ロングトーク [13:00-13:55]

(1) [Predicting PRDM9 binding sites by a convolutional neural network and verification using genetic recombination map](#)

Takahiro Nakamura, Toshinori Endo, Naoki Osada

■ロングトーク [13:55-14:20]

(2) [ヒトのエンハンサーと遺伝子相互作用や転写制御に影響する, 方向性のある転写因子 DNA 結合配列の解析法の開発](#)

大里 直樹, 浜田 道昭

■ロングトーク [14:30-14:55]

(3) [テンソル分解を用いた教師なし学習による変数選択法を用いた薬物組織全体のモデル動物実験における薬物治療反応の普遍性](#)

田口 善弘, ターキー ターキー

■ショートトーク [14:55-15:10]

(4) [Elementary flux mode 型経路の化学量論的な代謝ネットワーク構造 variant の対称性の数](#)

太田 潤

■ディスカッショントラック [15:10-15:25]

(5) [Prediction of RNA secondary structure including pseudoknots for long sequences](#)

Kengo Sato, Yuki Kato