

“IPknot: fast and accurate prediction of RNA secondary structures with pseudoknots using integer programming”

佐藤 健吾(東京大)、加藤 有己(奈良先端)、浜田 道昭(東京大)、阿久津 達也(京都大)、浅井 潔

ポスター発表

“A novel ultra-fast comparison method for known and potential ligand-binding sites of proteins”

富井 健太郎、伊東 純一(東京大)、田部井 靖雄(JST)、清水 佳奈、津田 宏治

“fastapl – a utility for versatile and easy processing of multifasta format data”

ポール・ホートン

“SlideSort: Fast and exact algorithm for Next Generation Sequencing data analysis”

清水 佳奈、津田 宏治

“Effect of adding homologs in multiple sequence alignment and phylogenetic analysis”

加藤 和貴、Christian Ledergerber (ETH Zurich, Computer Science);

Christophe Dessimoz (ETH Zurich, Computer Science); Manuel Gil (ETH Zurich, Computer Science)

“SAHG, a comprehensive database of annotated structure models for human proteins”

本野 千恵、小池 亮太郎(名古屋大) 清水 佳奈、城田 松之(東北大) 雨宮 崇之(名古屋大)、富井 健太郎、
長野 希美、廣明 秀一(神戸大)、白井 剛(長浜バイオ大)、木下 賢吾(東北大)、野口 保、
太田 元規(名古屋大)

産総研オープンラボ2011

10月13～14日、つくばセンターで開催された「産総研オープンラボ」でCBRCは浅井潔研究センター長「ライフサイエンス分野の重点研究課題の紹介」と題して講演を行ったほか、3点のパネル展示をいたしました。

パネル展示

「次世代シーケンサー・データの情報処理」

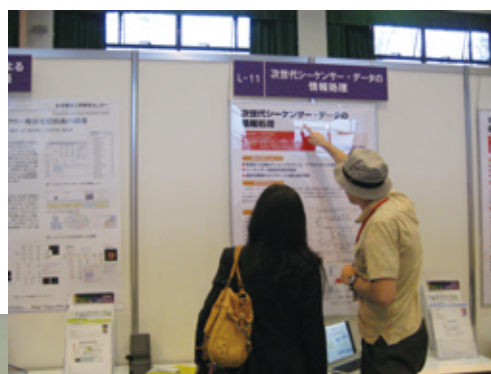
ポール・ホートン 配列解析チーム長

「解析プラットフォームによる統合利用環境の構築」

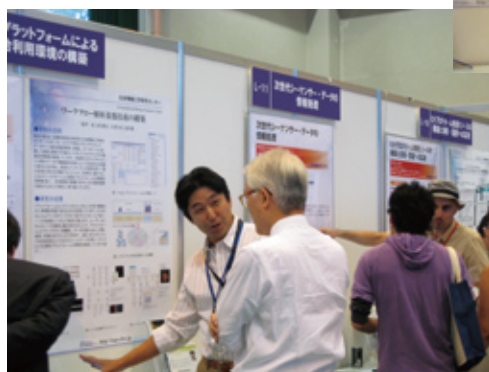
福井 一彦 分子機能計算チーム長

「配列、構造データを利用したGPCRの機能解析」

藤 博幸 副センター長



研究内容を参加者に説明するフリス研究員



野間口産総研理事長に説明する
福井研究チーム長