

ポスターセッション ポスター番号、発表者名簿

ポスター番号	ポスター発表者	所属	ポスタータイトル
1	相田 拓洋	C B R C アルゴリズムチーム	実験室内分子進化ダイナミクスの熱力学的概念による解釈
2	長崎 英樹	C B R C アルゴリズムチーム	ヒト遺伝子の選択的スプライス部位の解析
3	上野 豊	C B R C 数理モデルチーム	プログラミング言語Luaによる遺伝子データ処理
4	福田賢一郎	C B R C 数理モデルチーム	生体機能のメカニズムを表現したパスウェイ情報のデータベース化
5	加藤 毅	C B R C 数理モデルチーム	カーネル行列の補完によるタンパク質分類
6	金 大真	C B R C 数理モデルチーム	Marginalized Kernelsを用いたsnoRNA配列情報からの特徴抽出
7	相良純一	C B R C 数理モデルチーム	ヒトゲノムの snoRNA 部位の予測
8	宇田新介	C B R C 数理モデルチーム	カーネルマシンによる複数情報源からのイースト菌遺伝子機能予測
9	木立 尚孝	C B R C 数理モデルチーム	マイクロアレイデータを用いたプロモータ配列と強度の間の関係の抽出
10	河村洋一	C B R C 数理モデルチーム	P-ループ含有NTP加水分解酵素スーパーファミリーの配列・構造・機能に基づく系統解析
11	藤淵 航	C B R C 配列解析チーム	マイクロアレイデータからの遺伝子発現関連の統計的有意性の推定
12	M. Michael Gromiha	C B R C 生体膜情報学チーム	Cation- Interactions in Different Folding Types of Membrane Proteins
13	向井 有理	C B R C 生体膜情報学チーム	ゴルジ膜貫通領域に着目した糖転移酵素の判別
14	本野千恵	C B R C 生体膜情報学チーム	タンパク質の分子動力学計算におけるポテンシャル関数の違いの影響
15	水野 政彦	C B R C 生体膜情報学チーム	ヒト遺伝子構造および選択的スプライス部位の高精度同定
16	岡本 康孝	C B R C 生体膜情報学チーム	ヒトGタンパク質共役型受容体における網羅的SNP発見とその解析
17	小嶋亜耶	C B R C 生体膜情報学チーム	Gタンパク質共役型受容体の機能に関わる保存領域の探索
18	村松 孝彦	C B R C 生体膜情報学チーム	Gタンパク質共役型受容体のGタンパク質に対する共役選択性解析
19	矢貫幸光	C B R C 生体膜情報学チーム	立体構造帰属データベースシステムGENIUS IIの開発
20	関嶋政和	C B R C タンパク質機能チーム	計算機シミュレーションによるプリオンタンパク質の構造転移機構の解明に向けて
21	長野希美	C B R C タンパク質機能チーム	配列・立体構造・機能に基づくTIM/バレル・フォールドの系統的解析
22	増保 利行	C B R C タンパク質機能チーム	三次元情報に基づくタンパク質の変化部位特定
23	村上 恵	C B R C タンパク質機能チーム	P D B代表タンパク質チェーン決定システム(PDB-REPRDB)の改良
24	富井 健太郎	C B R C 分子設計チーム	FORTE1によるタンパク質立体構造予測コンテストへの参加
25	池田 和由	C B R C 分子設計チーム	マルチカ/ニカル分子動力学法によるカメレオン配列のエネルギー地形の解析
26	富永大介	C B R C 細胞情報チーム	遺伝子ネットワークの構造推定のための非線形最適化法
27	旭井 亮一	C B R C 細胞情報チーム	計算機とDNAチップを用いた核酸分子認識素子の探索
28	門田幸二	C B R C 細胞情報チーム	赤池情報量規準を用いた組織特異的遺伝子の検出
29	福井一彦	C B R C 大規模計算チーム	赤外多光子解離によるペプチド切断の電荷選択性や波長依存性の考察
30	塚本弘毅	C B R C 大規模計算チーム	一酸化窒素還元酵素Cytochrome P450norのNADHドッキングサイト予測および半経験的量子化学計算を用いた反応機構の解明
31	Keun-Joon Park	C B R C 大規模計算チーム	Prediction of protein subcellular locations by support vector machines using compositions of amino acids and amino acid pairs
32	今西 規	B I R C 統合データベース解析チーム	高頻度で出現する配列モチーフの発見アルゴリズム
33	山口由美	B I R C 統合データベース解析チーム	B型肝炎ウイルスの表面タンパク質のアミノ酸置換パターン
34	伊藤 剛	B I R C 統合データベース解析チーム	原核生物完全長ゲノムにおける水平移行遺伝子の網羅的探索
35	Craig Gough	B I R C 統合データベース解析チーム	Structural Effects of a Cancer-Associated Mutation in BRCA1 as Revealed by Molecular Dynamics Simulation
36	岡 晃	B I R C 統合データベース解析チーム	ゲノムワイドな多型マイクロサテライトマーカーの設定とそれを用いた複合性疾患の解析
37	武田淳一	B I R C 統合データベース解析チーム	細胞内共生菌の進化速度上昇に伴う非同義置換パターンの変化
38	田中進	B I R C 統合データベース解析チーム	疾患情報解析における候補遺伝子アプローチの検証 ～ 慢性疲労症候群への応用
39	谷野元彦	B I R C 統合データベース解析チーム	マイクロアレイ発現データを用いた白血病ALLとAMLのクラス分け
40	萩原 正人	B I R C 統合データベース解析チーム	進化系統樹作成システム “Tree Topology Operation Program (TTOP)” の開発
41	藤井康之	B I R C 統合データベース解析チーム	セフェム系抗生物質のクラスA -lactamase抵抗性由来の解明
42	細田 誠吾	B I R C 統合データベース解析チーム	多型データベースの比較解析に基づくヒト遺伝子の多様性
43	Takashi Makino	B I R C 統合データベース解析チーム	Evolutionary mechanisms of duplicated genes
44	耳浦 善栄	B I R C 統合データベース解析チーム	マルチプルアラインメント作成のための並列化CLUSTALWの開発