2014年度

# RNAインフォマティクス道場 in 札幌

## 8月25日(月)～29日(金)

## 産総研北海道センター

北海道札幌市豊平区月寒東2条17丁目2-1

8月25日（月）

14:00-14:45 松田　崇（東京大学）homologousな配列を用いたRNA結合二次構造予測
14:45-15:30 抜井　貴弘（東京大学）mRNAの局在と二次構造の関係
15:30-16:15 草刈　亮（東京大学）２次構造を利用した系統推定の精度向上
16:30-17:15 今田　雄太郎（東京大学）RNA二次構造情報を利用したタンパク二次構造推定
17:15-18:00 三宅　博史（東京大学）RNA structural motifs around alternative splicing sites

8月26日（火）

総合討論（各種共同研究等の打ち合わせ）

8月27日（水）

10:00-11:00 廣瀬　哲郎（北海道大学）ノンコーディングRNAネオタクソノミに向けた課題
11:00-12:00 宮崎　健太郎（産総研）rRNA置換変異によるリボソーム可塑性の分子基盤の解明
13:30-14:30 齊藤　博英（京都大学）人工RNAテクノロジーによる哺乳類細胞運命の制御
14:30-15:30 阿部　洋（北海道大学）RNAのナノ構造化に基づく機能創発
15:40-16:40 種田　晃人（弘前大学）人工リボスイッチ設計の最近の動向について
16:40-17:10 鎌形　清人（東北大学）単分子蛍光観察による癌抑制蛋白質p53の標的配列探索機構の解明

8月28日（木）

10:00-11:00 亀田　倫史（産総研）粗視化モデルMD計算による蛋白質RNA複合体立体構造予測
11:00-12:00 岩切　淳一（東京大学）タンパク質立体構造を用いたRNA-タンパク質相互作用予測
13:30-14:30 佐藤　健吾（慶應義塾大学）機械学習を用いたタンパク質とRNAのコンタクト予測
14:30-15:30 浜田　道昭（早稲田大学）A comprehensive prediction of RNA-RNA interactions in human transcriptome
15:30-16:30 加藤　有己（京都大学）ゲノムワイドRNA配列比較に向けて

8月29日（金）

10:00-11:00 浅井　潔（東京大学）TBA
11:00-12:00 木立　尚孝（東京大学）データ駆動型研究を加速する微分方程式の統計的推定論
13:30-14:30 曽　超（東京大学）A genome-wide analysis of mRNA translation in Escherichia coli
14:30-15:30 河口　理紗（東京大学）Genome-wide analysis of a landscape of RNA secondary structure
15:30-16:30 森　遼太（東京大学）RNA二次構造のクレジビリティリミットと整数スコア分布

オーガナイザー

AIST NATIONAL INSTITUTE OF ADVANCED INDUSTRIAL SCIENCE AND TECHNOLOGY (AIST), JAPAN
CBRC Computational Biology Research Center

Asai Laboratory 浅井研究室 The University of Tokyo Graduate School of Frontier Sciences Department of Computational Biology 東京大学大学院 新領域創成科学研究科 情報生命科学専攻