

OPEN LABORATORY

ASTER
立命館科学技術振興会

立命館大学 生命科学部 生命情報学科 主催 立命館科学技術振興会[ASTER] 共催

12/14
FRI

時間: 16:30 - 18:30

場所: 立命館大学 びわこ・くさつキャンパス

パネル発表: リンクススクエア 2F エントランスホール

懇親会: リンクススクエア 1F リンクカフェ

! 最先端の技術情報を収集できます!

! 立命館大学の優秀層の学生に出会えます!

組織機能解析学研究室 (天野研)

心臓リング形状モデルを用いた心筋組織および心筋細胞残留応力とエネルギー代謝の関係解析 田村久美子 (M2)
心室筋活動電位波形を用いる薬物作用推定システム 山本真帆 (M1)

情報生物学研究室 (伊藤研)

The functional adaptability of Cip/Kip proteins from the high rate mutation of intrinsically disordered protein Muhamad Fahmi (D2)
HDAC複合体における転写共役因子依存的な転写制御の解明 大西優斗 (M2)
遺伝子カスケードの自動構築による線虫C. elegans初期胚における極性メディエーターmex-3の包括的機能推定 野元優介 (M2)
ヒト糖加水分解酵素の系統プロファイル解析による糖鎖の生物学的意義の解明 中村孝大 (M2)
ミスセンス変異における指定難病原因についての解析 関海斗 (M1)
線虫 Caenorhabditis. elegansにおけるPAF-1複合体の卵形成機構の解析 大田菜摘 (B4)
系統プロファイルを用いた進化的分類によるCDKL5の機能解明 安井彦 (B4)

計算生命化学研究室 (菊地研)

不規則構造を持つβtrefoil タンパク質のフォールディングコアの特定 木村理紗子 (M2)
コンピュータを用いたタンパク質-リガンド間の結合自由エネルギー予測 河野隆之 (M2)
MM/3D-RISM法を用いた水・エタノール混合溶液中における小分子間の結合自由エネルギー予測 近藤一馬 (M2)
コンピュータを用いた薬剤候補分子系列の探索と改良 近藤大地 (M2)
MDシミュレーションを用いたBAFの野生型と変異体の揺らぎの解析 山口千晶 (M2)
タンパク質の立体構造形成シミュレーション -Goモデルを用いたGA・GBタンパク質の解析- 濱上翔也 (M1)
NGPS原因タンパク質BAFの分子動力学シミュレーションおよびソリユーションマップ解析 浜野将孝 (M1)

計算構造生物学研究室 (高橋研)

深層学習を用いたタンパク質の局所的相互作用の予測 近藤遼平 (M1)
計算機による相互作用ペプチドの合理的デザイン (Computer-aided Rational Design of Interacting Peptides) 島戸拓也 (M1)

生体分子ネットワーク研究室 (寺内研)

試験管内再構成したシアノバクテリア生物時計の分子状酸素に対する応答機構の解析 藤本恵 (M2)
緑色硫黄光合成細菌におけるシアノバクテリア生物時計の発現 酒井唱太郎 (M2)
シアノバクテリア時計タンパク質KaiCのC末端領域欠損変異体によるA loopの機能解析 山下昂三 (M2)

植物分子生理学研究室 (深尾研)

ホウレンソウの芽生えを用いた一過的形質転換によるゲノム編集系の確立 田井超洋 (M1)

お申し込み

参加ご希望の方は、右記 URLよりお申込みください。

<http://bit.ly/aster181214>



<お問い合わせ>
立命館科学技術振興会 事務局
☎ 077-561-2802
✉ aster@st.ritsumei.ac.jp