

ポスター発表日時（奇数番号 9/9 13:00-14:30, 偶数番号 9/10 13:00-14:30）

Poster#	Title	Authors
P-1	Analyzing the 3D Chromatin Organization Coordinating with Gene Expression Regulation in B-cell Lymphoma	Luis Augusto Eijy Nagai, Sung-Joon Park and Kenta Nakai
P-2	テンソル分解を用いた教師無し学習による変数選択法のバイオインフォマティクスへの応用	Y-H. Taguchi
P-3	時系列・一細胞解析による抗がん剤耐性獲得過程の理解	Shigeyuki Magi, Sewon Ki, Masao Ukai, Yutaka Suzuki and Mariko Okada
P-4	Predicting disorder-order transition sites by stacked residual bidirectional long short-term memory recurrent neural networks	Ziang Yan, Satoshi Omori, Kazunori Yamada, Hafumi Nishi and Kengo Kinoshita
P-5	An interpretable machine learning model for diagnosis of Alzheimer's disease	Diptesh Das, Junichi Ito, Tadashi Kadowaki and Koji Tsuda
P-6	Pathway analysis and enrichment analysis for signal transduction system	Kentaro Inoue
P-7	Are metagenomic data sufficiently informative to robustly predict inflammatory bowel disease status?	Lusine Khachatryan, Yang Xiang, Carine Poussin, James Battey, Giuseppe Lo Sasso, Adrian Stan, Stephanie Boue, Nicolas Sierro, Julia Hoeng and Nikolai V. Ivanov
P-8	Tarone法を用いた系列パターンマイニングの多重検定補正	Koichi Mori and Tsukasa Fukunaga
P-9	標準化レーベンシュタイン距離法を用いたアミノ酸置換スコア行列であるBLOSUMの改良と応用	金城 和輝, 小泉 範子 and 伊藤 利明
P-10	シングルセルレベルにおける心不全病態ダイナミクスの解明	桃子 濱野, 征太郎 野村, 浩幸 油谷, 一成 小室 and 芳裕 山西
P-11	ウイルスゲノムの連続塩基組成に基づく宿主特異性の解明	Naoya Matsuta and Takashi Abe
P-12	Deep learning application in quantitative image analysis of bacterial behavior	Yoshiko Miyahara, Yuya Okamoto, Mawo Takegawa, Takehisa Yano, Takako Yamamoto and Satoshi Nagai

P-13	ディープラーニングによるタンパク質のコンタクト残基予測	Hiroyuki Fukuda and Kentaro Tomii
P-14	頑健な正規化と経験ベイズの枠組みを用いたRNA-seq発現パターン分類	Takayuki Osabe, Kentaro Shimizu and Koji Kadota
P-15	Weighted Minimum Feedback Vertex Sets and Implementation in Human Cancer-related Genes Detection	Ruiming Li, Chun-Yu Lin, Wei-Feng Guo and Tatsuya Akutsu
P-16	Fecal microbiome and metabolome characterizations of patients with gastrectomy for gastric cancer treatment	Pande Putu Erawijantari, Sayaka Mizutani, Hirotugu Shiroma, Satoshi Shiba, Shinji Fukuda, Shinichi Yachida and Takuji Yamada
P-17	Abnormal chromosome detection by image recognition AI using deep learning.	至 弓, 由美子 数藤, 俊徳 遠藤 and 直樹 長田
P-18	Predicting gene regulatory regions with a convolutional neural network for processing double-strand genome sequence information	Koh Onimaru, Osamu Nishimura and Shigehiro Kuraku
P-19	Comprehensive detection of insertion sequences in bacterial genomes	Jun Hattori, Takehiko Itoh and Yoshimura Dai
P-20	機械学習を用いたGPCR-ペプチド間相互作用予測器からの相互作用機序の抽出	慧 白石 and 炎 佐竹
P-21	小児難病の治療を目指した若年性トランスクリプトーム解析	Masaki Mori
P-22	Embedding neuronal dynamics to connect neuronal activity to behavioral patterns	Hirotaaka Matsumoto and Muneki Ikeda
P-23	ウイルスタンパク質アミノ酸配列に対するShort Linear Motif検出法の開発	Hajime Itoh, Manabu Igarashi and Takashi Abe
P-24	Predicting Chemical Reaction Routes with Artificial Intelligence-based Retrosynthesis	Haris Hasic and Takashi Ishida
P-25	ドラフトゲノムの不完全性が遺伝子構造アノテーションに及ぼす影響の解析	Yuta Nakamura, Rei Kajitani, Fumiya Kobayashi, Hideaki Yuasa and Takehiko Itoh
P-26	Integrative study of genomic information and sequencing data defines functional estrogen-inducible enhancer RNAs in breast cancer	Kuniko Horie, Kazuhiro Ikeda and Satoshi Inoue
P-27	大腸がんの治療は腸内環境を変化させる	Hirotugu Shiroma, Sayaka Mizutani, Satoshi Shiba, Shinichi Yachida and Takuji Yamada
P-28	JAMIR-eQTL: Japanese genome-wide identification of microRNA expression quantitative trait loci	Shintaro Akiyama, Sayuri Higaki, Shumpei Niida, Kouichi Ozaki and Daichi Shigemizu

P-29	Discovery of tissue specific biological processes for diseases modeling	Ying Chen and Wataru Fujibuchi
P-30	Pan-cancer analysis for mutations hotspots in non-coding elements	Chie Kikutake and Mikita Suyama
P-31	Remote protein homolog detection based on sequence similarity networks	Shuichiro Makigaki and Takashi Ishida
P-32	ドラフトゲノムに対応した遺伝子構造アノテーション自動構築パイプラインの開発	Fumiya Kobayashi, Rei Kajitani, Miki Okuno, Hideaki Yuasa, Yuta Nakamura and Takehiko Itoh
P-33	シングルセル空間トランスクリプトームデータを用いた遺伝子制御ネットワークの空間分布解析	Takaho Tsuchiya and Haruka Ozaki
P-34	Intel SGXによるプライバシー保護生命情報解析プラットフォーム	Ao Sakurai, Daiki Iwata and Kana Shimizu
P-35	PKRank & SPDRank : リガンドベースバーチャルスクリーニングのためのランク学習法	Masahito Ohue, Shogo D. Suzuki and Yutaka Akiyama
P-36	Detection of structural variants in cancer tissue by nanopore sequencer MinION	Shingo Kimura
P-37	化合物生成モデルを利用した特定抗菌スペクトル化合物の探索	Riku Okajima and Takuji Yamada
P-38	Comparative microbial community analysis of the intestinal flora in wild birds captured at Fukushima-gata lake, Niigata, Japan	Koji Uetsuka, Takae Shimizu, Ayaka Shima, Genki Ishihara, Gen Morimoto, Tomohiro Deguchi and Takashi Narihiro
P-39	Multiple HPC Environments-aware Container Image Configuration Method for Bioinformatics Applications	Kento Aoyama, Masahito Ohue and Yutaka Akiyama
P-40	HT-SELEXデータを用いた高結合親和性RNAアプタマー同定	Ryoga Ishida, Tatsuo Adachi, Aya Yokota, Kazuteru Aoki and Michiaki Hamada
P-41	多様なゲノム進化モデルを選択可能なゲノム進化史推定ソフトウェアの開発	Tsukasa Fukunaga
P-42	タンパク質間相互作用予測ソフトウェアMEGADOCKのマルチGPU・マルチノード環境上の高速化	Hiroki Watanabe, Masahito Ohue and Yutaka Akiyama

P-43	次世代シーケンス解析による病原微生物診断パイプラインPATHDETの開発	Kazuhiro Horiba, Yuka Torii, Yuichiro Hara, Takako Suzuki, Suguru Takeuchi, Toshihiko Okumura, Jun-ichi Kawada, Hideki Muramatsu, Yoshiyuki Takahashi, Tomoo Ogi and Yoshinori Ito
P-44	Fabry病の新規補充酵素に関する分子動力学計算による解析	Seiji Saito
P-45	抗がん剤治療の新たな定量的解釈に向けた腸内細菌叢解析	Naoko Koyama, Hirotsugu Shiroma, Sayaka Mizutani, Shinji Fukuda, Satoshi Shiba, Shinichi Yachida and Takuji Yamada
P-46	GCMQA: Graph convolutional neural network for model quality assessment	Rin Sato and Takashi Ishida
P-47	Predicting concordance in myelodysplastic syndromes image diagnoses from highly skewed population labels	Takahiro Mimori, Issei Sato, Keiko Sasada and Hirota Matsui
P-48	高速相同性検索ツールによる歯垢構成細菌叢・保持遺伝子組成解析が示唆する歯周病罹患部位と健常部位の差異	Kazuki Izawa, Kazuko Shibayama, Masahito Ohue, Kazuyuki Ishihara and Yutaka Akiyama
P-49	DegSampler2: an improved Gibbs sampling strategy for predicting E3 binding sites	Osamu Maruyama and Fumiko Matsuzaki
P-50	CodonAdjustment: an algorithm to optimize codon nucleotide compositions for mutagenesis library by using non-linear optimization	Thuy Duong Nguyen, Yutaka Saito and Tomoshi Kameda
P-51	SPARQLと配列クラスターを用いたアノテーション支援ツールの開発	明康 吉沢, 勇樹 守屋, 信 河野, 大樹 小林, 令江 荒木, 進 五斗 and 泰 石濱
P-52	タンパク質の天然変性の程度の指標の提案とその予測手法の開発	Keigo Watanabe, Tomoya Matsumoto, Yoshitaka Moriwaki, Koji Nagata and Kentaro Shimizu
P-53	タンパク質配列情報と薬剤結合部位構造情報を用いた新規タンパク質に対する深層学習リガンド結合予測	Mari Matsumura
P-54	機械学習を用いた環状ペプチドの膜透過性予測手法の開発	Yuta Yamada, Yasushi Yoshikawa, Naoki Wakui, Masahito Ohue and Yutaka Akiyama
P-55	ベイズ最適化によるタンパク質配列設計の自動化	Kohei Oyamada and Hiroto Saigo

P-56	脂肪由来幹細胞の分化制御における時期特異的ヒストン修飾のin-silico検出	恭代 山谷, 聖俊 朴 and 謙太 中井
P-57	細胞の分化・誘導に関わる発現ポテンシャルの解析にあたっての低次元射影のクラスタリングの比較検討	Takafumi Ojima, Satoshi Nagaie, Ryosuke Ishiwata, Satoshi Mizuno, Hiroshi Tanaka and Soichi Ogishima
P-58	不凍タンパク質の分類予測器作成	Ryosuke Miyata, Kentaro Shimizu, Tohru Terada and Yoshitaka Moriwaki
P-59	タンパク質複合体相互作用残基ペア情報を用いたマルチドメインタンパク質立体構造予測	Shumpei Matsuno, Masahito Ohue and Yutaka Akiyama
P-60	The challenge of detecting chromatin co-accessible structures in mouse brain	Risa K. Kawaguchi, Stephan Fischer and Jesse Gillis
P-61	環境間メタゲノム比較による新規光受容体遺伝子の探索	陽介 西村, 涉 岩崎 and 晋 吉澤
P-62	Let's start Museomics: Future of Bioinformatics working in Japanese Museum	Hiromi Matsumae, Tsuyoshi Hosoya, Utsugi Jinbo, Takeshi Kawashima, Masaaki Kotera, Ai Muto-Fujita, Takeru Nakazato, Takao K Suzuki and Masaya Yago
P-63	Deep-learning based genotype identifier for genetically modified animals using long DNA sequencer	Akihiro Kuno, Yoshihisa Ikeda, Kotaro Sakamoto and Seiya Mizuno
P-64	分子特徴ベクトルと学習アルゴリズムのアンサンブルによるリガンドベース活性予測精度の向上	Takashi Tajimi and Takashi Ishida
P-65	Detection of Burkholderia in Endometrial Fluid Microbiota of Infertile Patients with a History of Repeated Implantation Failure	Kotaro Kitaya, Yoko Nagai, Wataru Arai, Yoshiyuki Sakuraba and Tomomoto Ishikawa
P-66	ヒト腸内メタゲノムデータのK-merプロファイルによる大腸がんの検出とステージ予測	Masato Saito, Hirotsugu Shiroma and Takuji Yamada
P-67	がんゲノムにおける構造変異検出ソフトウェアの評価と複数のソフトウェアの結果の効果的な統合方法について	Kenichi Chiba, Yuki Saito, Keisuke Kataoka and Yuichi Shiraishi
P-68	微生物群集のダイナミクスの数理モデリングと数値解析	Hitoshi Koyano, Kazunori Sawada, Nozomi Yamamoto and Takuji Yamada

P-69	Improvement of deep learning model for reranking predicted protein complex structures	Masataka Irokawa and Takashi Ishida
P-70	Multiclass classification model for dementia-type prediction using serum microRNA biomarkers	Yuya Asanomi, Daichi Shigemizu, Takashi Sakurai, Kouichi Ozaki, Takahiro Ochiya and Shumpei Niida
P-71	Development of image annotation software for digital pathology images with APIs for user-implemented functionalities assisting annotation	Yuji Ota, Kaname Kojima, Kosuke Shido, Kenshi Yamasaki and Setsuya Aiba
P-72	複数の予測器の組み合わせによる抗体変異体の結合力変化の予測	遥一 来見田, 裕 齋藤 and 倫史 亀田
P-73	メタボロームおよびトランスクリプトーム解析を用いた角膜上皮の特異性を規定する代謝・分子経路の探索	峻 柴田, 竜平 林, 徹 大久保, 裕司 工藤, 陽一 本間 and 幸二 西田
P-74	糖質代謝モデルネットワークにおけるグルコースの酸素原子の二酸化炭素への経路	誠吾 澤江 and 潤 太田
P-75	Analysis on nonsynonymous variations with possible structural and functional impact on loss-of-function intolerant proteins	Matsuyuki Shirota
P-76	Collecting Annotation of Proteins from Linked Open Data for Alignment Viewer	Atsuko Yamaguchi and Hiroyuki Toh
P-77	発酵微生物群集の地理的比較	Chun Wang, Kazunori Sawada, Nozomi Yamamoto and Takuji Yamada
P-78	イントロンの存在はde novo遺伝子の誕生速度を増すか?	Keisuke Ando and Tetsushi Yada
P-79	機械学習を用いたユビキチンプロテアソーム系関連非必須遺伝子変異株の形態表現型解析	吾大 鈴木, 裕 齋藤, 元昭 関, 健太郎 梶, 美樹子 根岸, 浩幸 油谷, 楠 山本-エヴァンス, Christian R. Landry, 望 谷内江 and 統泰 光山
P-80	An Objective Estimation of the Number of Cell Types in Whole Mouse Body	Susumu Sawada and Wataru Fujibuchi
P-81	深層学習を用いたタンパク質の天然変性領域の予測	Ryoga Misu, Akio Kitao and Tran Duy
P-82	深層学習によるクライオ電子顕微鏡法単粒子解析の画像収集効率化	Yuichi Yokoyama, Tohru Terada, Kentaro Shimizu and Kazutoshi Tani

P-83	Prediction of habitat area of wild animals from their names in various languages in the world; a case study to extract areal information from vocabulary	Takeshi Obayashi, Kazunori Yamada and Akiko Nagano
P-84	一遺伝子内に複数存在するプロモータ発現の揺らぎの定量化	Yamato Hamaya, Katsuya Tsuchihara and Riu Yamashita
P-85	Rewiring diagram of Escherichia coli metabolic network models by Genome-scale genetic interaction analysis	Ai Muto-Fujita, Jonathan Monk, Yuichiro Tanaka, Markus Herrgard, Bernhard Palsson and Hirotada Mori
P-86	MOCCS2: evaluating all DNA-binding sequences from ChIP-Seq data	Yoshimasa Asano, Hikari Yoshitane, Seinosuke Sakai, Aya Sagami, Yutaka Suzuki, Hitoshi Okamura, Wataru Iwasaki, Haruka Ozaki and Yoshitaka Fukada
P-87	"Semi-pseudogenes" are maintained and abundant in some of E. coli genomes	Ken Kuroki and Wataru Iwasaki
P-88	Inferring activity and targets of enhancers in single cells through single-cell enhancer RNA analysis	Haruka Ozaki
P-89	Survey the action mechanism of pyrazole derivatives that induce triple response in Arabidopsis seedlings by using RNA-seq	Keimei Oh, Kenji Ueda and Kojiro Hara