

博士課程短期修了のための公開講演会

# 深層学習による配列ベースのヒト-ウイルス タンパク質間相互作用の予測

築山翔

九州工業大学大学院情報工学府

SARS-CoV-2 によるパンデミックからも明らかなように、ウイルス感染症は世界の大きな脅威の一つである。ウイルスは宿主のタンパク質と相互作用することで、感染のための様々なプロセスを実行する。そのため、これらの相互作用を同定することは感染メカニズムを理解し、有効な治療薬を発見するために極めて重要である。本研究で、我々は深層学習を用いることで、タンパク質のアミノ酸配列情報のみから最先端の精度で HV-PPI を予測した。

日時：10月5日（木）3時間目（13：00-14：30）

場所：Zoom

ミーティング ID: 350-514-2169

PW 564471

問い合わせ先：倉田博之  
kurata@bio.kyutech.ac.jp