拡散モデルによる RNA アプタマー配 列の設計

指導教員: 佐藤 健吾 教授

東京電機大学 システムデザイン工学部 情報システム工学科 生命データサイエンス研究室

学籍番号: 20AJ119

松本英倫

目次

第1章	序論	1
第2章	背景	2
第3章	方法	3
第4章	結果	4
第5章	考察	5
第6章	結論	6
謝辞		6
参考文献		8
付録 A A.1 A.2	外部仕様 実行環境	9 9
付録 B	内部仕様	10
B.1 B.2		10 10
付録 C C.1	ソースコード dp.c	11 11

第1章

序論

labelcha:intro 今日, 拡散モデルは画像生成に用いられてきた手法であった. 画像などの連続値データに適用されがちな拡散モデルをテキストといった離散値データにも応用していく動きがあった.

第2章

背景

新薬を開発するまでに、多くの年月がかかってしまっている。これには人間の手作業で薬剤の候補化合物を探索していることに起因している。手作業で候補化合物を見つけた後は選定に移る。そこで臨床で試験する価値がありそうな化合物だけを選ぶ。ここに来るまでに多くの物質が脱落してしまう。その繰り返しをしているだけで、23年の年月がかかっている。

第3章

方法

第4章

結果

第5章

考察

第6章

結論

謝辞

本論文を作成するにあたり、お世話になった方々にこの場を借りて謝辞を申し上げます。指導教員の佐藤健吾教授には、毎回の進捗ゼミでの議論を通じて、ご指導ご鞭撻を賜りました。日々のディスカッションを通じて研究の方針から自分の些細な悩みへの相談まで、様々なことをご教示頂きました。心より御礼申し上げます。また、公私ともに交流を通じて支えてくださった研究室の方々に御礼申し上げます。最後になりますが、四年間の大学生活を支えてくれた家族に心から感謝致します。

2023 年 2 月 松本英倫

参考文献

[1] Kengo Sato and Hiroaki Saito. Extracting word sequence correspondences with support vector machines. In *Proceedings of the 19th International Conference on Computational Linguistics*, pp. 870–876, August 2002.

付録 A

外部仕様

- A.1 実行環境
- A.2 プログラムの実行

付録 B

内部仕様

- B.1 学習プログラム
- B.2 予測プログラム

付録C

ソースコード

C.1 dp.c

```
1 int main(int argc, char *argv[])
 2 \quad \big\{
      int len_x, len_y, maxl;
 3
 4
      float score;
      len_x = read_seq(argv[1], x);
 5
      len_y = read_seq(argv[2], y);
 6
      score = align(len_x, len_y);
 7
 8
      /* print_matrix(len_x, len_y); */
 9
      \label{eq:maxl} \text{maxl} = \text{traceback}(\text{len\_x}{-}1,\,\text{len\_y}{-}1);
      printf("score⊔%f\n", score);
10
      print_result(maxl);
11
12
      return 0;
13
14 }
```