



目次

イントロダクション	1
特徴	2
Medic EMR(電子診療記錄)	3
Medic Phone 遠隔医療スマートフォンアプリケーション	8
Folding@home プロジェクト	10
結び	13

イントロダクション:

現在、仮想通貨市場には非常に多くの通貨がありますが、あなたはどうして他の 仮想通貨を必要とするのでしょうか? Medic Coin は、積極的な開発者やプロモーター、慈善事業者チーム、そして通貨をバックアップするいくつかのプロダクトを持っているという点でユニークです。

Medic Coin は OpenEMR を採用しており、医師や患者さんにとってはより有用なものになります。開発者は OpenEMR に「ステロイドを処方」し、現在よりも 10 倍も良い状態にする予定です。 Medic EMR という形式としての OpenEMR によって、患者さんと医師が Medic Coin を診療の際の支払いの方式として受け入れることが可能になります。

Medic Coin は、Medic Phone(遠隔医療スマートフォンアプリケーション)をリリースするために懸命に働いています。このアプリケーションは、患者さんが Medic Coin を使用してオンラインの医師に診てもらうことを可能にする遠隔医療アプリケーションです。Medic Phone は Medic EMR と統合され、完璧な電子診療記録(電子カルテ)を提供します。

Medic Coin を使用すると、マイニングやステーキング、マスターノードそしてハーベスティングすることができます。Scrypt アルゴリズムによって、ブロックを見つけるごとに 77 枚のコインを獲得できます。 ステーキングでは 39.8 枚コインを獲得できます。Medic Coin のマスターノードのオーナーは、1 ブロックにつき 159.2 Medic を享受することができます。最後に、スタンフォード大学の Folding @ Home プロジェクトで、疾患の治療法を見つけるためにタンパク質のフォールディング(構造解析)に関する研究を手伝っていただければ、Medic Coin で報酬を得ることができます。

Medic Coin には、プロモーター/マーケティングチームもあり、Medic Coin を支払いの一形態として受け入れてもらうために多くの取引先と契約することを主な仕事としています。私たちのマーケティングチームは、ヘルスケアとそのパートナーの経験があります。それには、ドラッグ販売店、美容院、各種小売店が含まれますが、これに限定されるものではありません。私たちの最終的な目標は、切れ目のなく Medic ユーティリティを増加させることです。

Medic Coin はユニークであり、私たちは、よいことをして、人生をより豊かにするのです。大きなコミュニティとその基礎を築くのを手伝っていただければ幸いです。

特徵:

各 PoS ブロックでは 199 枚のコインを以下のように配分します。マスターノードの所有者は 159.2 コインまたは PoS ブロック報酬の 80%を受け取ることができます。ステーキングでは、39.8 枚の Medic Coin または PoS ブロック報酬の 20%を受け取ることができます。マスターノードのオーナーになるためには、199999 枚の Medic Coin が必要です。一つのウォレットで、ステーキングとマスターノードの両方を同時に実行することができます。また、一つのウォレットに複数のマスターノードを作成できます。

各 PoW ブロックでは 77 枚のコインを受け取ることができます。難易度調整間隔は 1 ブロックごとに行われます。 PoW の最終ブロックは 99,999 です。 スタンフォード大学の Folding @ Home プロジェクトでは、お手持ちの CPU や GPU を使って Medic Coin を獲得できるのと同時に、研究者がアルツハイマー病や糖尿病、先天性疾患などの多くの疾患研究を加速するのを手助けすることができます。

MEDIC COIN の仕様:

コイン名: Medic Coin

コイン記号: MEDIC

PoW アルゴリズム: Scrvpt

難易度調整: 1 block ごとに行う

最大ブロックサイズ: 3MB

最大供給量: 5 億 MEDIC Coin

ブロック時間: 90 秒

ステーク時間:1時間

PoW ブロック報酬: 1 ブロックあたり 77 コイン

最終 PoW ブロック: 99,999 ブロック

PoS ブロック報酬: 199 MEDIC (80%がマスターノードオーナー、20%が

ステーカーに付与される)

マスターノードを立てるのに必要なコイン枚数: 199,999 MEDIC

MEDIC EMR (電子診療記録)

ブロックチェーン クイックレビュー

ブロックチェーンは、独自の課題に取り組むために最適化された新しいタイプのデータベーステクノロジーのことを指します。歴史的に見ると、データベースは、取引処理や計算をサポートする特定の組織による中央集権的なデータリポジトリとして使用されてきました。しかし、データベースは組織間で共有されることはほとんどありません。それは、さまざまな技術的、セキュリティ上の懸念があるからです。ブロックチェーンは、安全性、透明性および効率性を高めるように設計された、各パーティ間で共有された取引の非中央集権的・分散型データベースです。ブロックチェーンとは、(複数の当事者の間の)取引の(複数の場所やノード間で複製されたデータベースのコピーを持った)データベースです。売り手、買い手、価格、契約条件、および他の関連する詳細などのトランザクションの詳細を含む各ブロックに分割されており、エンコーディングの結果がすべてのノードで同じで、以前のトランザクションのチェーンに追加された場合に、共通取引を組み合わせ暗号化してネットワーク全体で検証されたものが有効となるような取引です。ブロックが無効である場合、ノードの「合意」によって準拠していないソードの結果は訂正されます。ブロックチェーンの取引の元帳には、従来の中央集権的なデータベースに比べて次のような利点があります。

安全性: ブロックチェーンは、取引に関係する当事者の身元を確認することによって、その取引を検証するために暗号化を施しています。これにより、当事者の同意なしに、ブロックチェーンに「偽りの」取引を追加することができなくなります。「ハッシュ」として知られる複雑な数学的計算が、トランザクションがブロックチェーンに追加されるたびに実行され、そのブロックチェーンは、トランザクションデータ、トランザクションに関係する当事者のアイデンティティ、および以前のトランザクションの結果に依存しています。ブロックチェーンの現在の状態が以前のトランザクションに依存するという事実は、悪意のあるものが過去のトランザクションを変更できないことを保証しています。これは、以前のトランザクションデータが変更された場合、現在のハッシュ値に影響を与えることになり、元帳の他のコピーと一致しなくなるためです。

透明性: 本質的に、ブロックチェーンは、複数のノード間(たとえば、頻繁にお互いに取引する複数の取引先)により維持管理される分散型データベースです。また、取引データは当事者間で一貫していなければならず、一番にブロックチェーンに追加する必要があります。これは、設計上、複数の当事者(ひょっとしたら同じ組織の内部かもしれません)が同じデータにアクセスできることを意味します。そのため、単一組織の外部からは見えないファイアウォールの内部にある複数の「サイロ」データベースに依存するような従来のシステムと比較して、透明性のレベルが大幅に向上します。

効率性: 一般的に考えると、ブロックチェーンを使用して複数のデータベースのコピーを維持することは、単一の中央集権的なデータベースより効率的ではないように思われます。しかし、現実世界のほとんどの例(資本市場で検討された、いくつかのケーススタディを含めて)では、複数の当事者がすでに同一取引に関する情報を含む重複データベースを維持しています。多くの場合、同じ取引に関するデータが同一ではないため、組織間で、時間とコストがかかる調整手続きをする必要性が生じます。組織間で、ブロックチェーンなどの分散データベースシステムを使用すれば、人の手による調整の必要性が軽減され、大幅なコスト削減が実現します。さらに、ブロックチェーンは、組織が組織間で重複して同じ作業する必要性をなくす共通・相互の能力を開発する可能性を提供する場合もあります。

HIPAA 規則およびコンプライアンスガイドライン

この導入に関して議論する前に、1996年の医療保険の携帯性と説明責任に関する問題 (HIPAA)に関して議論することが不可欠です。クラウドコンピューティングガイドライン、プライバシーおよびセキュリティルールを含むいくつかの主要な関連規則があります。このホワイトペーパーの主な目的は、HIPAA 法の詳細を学ぶことではありません。関連するアプリケーションに際して、導入の議論に関連する問題を明示的に議論しましょう。

プライバシー規則

Medic EMR ビジネスモデルによれば、プライバシー規則の要件はぜひとも順守しなければなりません。

これはプライベートな健康情報の送信と保存のためです。この場合のプライバシールールは、 医療計画、および電子フォームで情報を移動させる作業をする他のヘルスケア組織の中で のヘルスケア情報センターを指します。 HIPAA コンプライアンスに影響を受ける他の当事者 は、彼らのために行動するサービスプロバイダーです。ビジネスアソシエイツ(BA)としても知られ ている代理店のこととなると、ビジネスアソシエイトコントラクト(BAC)を守ることは非常に重要で す。何年もの間、HIPAA は上記の契約に厳しい要件を設けています。

最初の調査から、使用が認可された要件を含むメリットがあり、識別されていない情報の使用と個人情報の定義が定められています。識別されていない健康情報は、個人識別に情報を使用することを確実にする合理的な根拠がない場合に、身元を示す健康情報として定義されています。使用を制限する識別されていないデータ制限に関しては、以下に制限の要約があります。例えば、識別されていない健康情報の使用または開示に関しては、制限はありません。この時、この情報は個人情報を提供することになりませんし、個人を特定するための合理的な根拠を提供することさえしません。識別可能なデータと識別不能なデータを分離する境界は、個人を制限する情報源として機能します。

この境界線は、アメリカ合衆国人口の 0.04%に関連付けられています。

ヘルスケアインフラストラクチャーの問題点

今日、処方者は、電子的に処方箋を伝えるために、電子処方箋として知られているシステムを使用します。国民医療の質と格差の今後の方向性というタイトルの IOM レポートによれば、処方者が医療 IT をツールとして採用し始めると、提供されるケアの質が向上し、投薬コストが削減されます。処方箋、説明、管理および患者さんの介護モニタリング各段階で発生する医療過誤は、電子処方の採用によって削減することができます。

さまざまな研究によると、手書きの解釈の曖昧さによって薬物過誤を減らすこともできます。手書き廃止により、事務所スタッフと薬局間の通信時間も削減されます。この動きはまた、多大なる薬物有害事象による経費の支出を避けることができます。アメリカ合衆国全体での薬物有害事象は、年間で約38万件から45万件にのぼります。これにより、年間で約35億ドルの費用が発生しています。

多くの電子処方の側面の中で、臨床的決定には、患者さんへのケアを改善するための多くのコンピュータ化されたツールがあります。臨床的意思決定のサポートにより、通知は電子化され、薬剤選択、投薬量、アレルギーおよび多くの薬物相互作用に関連するアドバイスが提供されます。一旦処方箋がシステム内に置かれると、この処方箋は、手書きによる過誤発生を回避することにつながります。医療界でのオープンソース運動が始まり、オープンソースはピアレビューに匹敵してきています。このソフトウェアコードを使用することで、ユーザーはソフトウェアを公開してからテストしたり、いろいろいじってみたり、ソフトウェアを批判したりすることができます。他の EMR とは異なり、このソフトウェアのユーザーは、改善し、カスタマイズし、コードを学習することができます。このソースを通じて医師は、「マジシャン」だけが開けることができると多くの人が考えている「ブラックボックス」を学ぶことができます。私たち(患者さんと医師)は、オープンソースを通じて、自分たちが使用するツールについて正しい知識を得ることができます。私は授業に出席せず、GitHubを通じて自分でコードを練習していました。

最後に、オープンソースはライセンス料や登録料がなく、良心的です。この場合、誰でも参加できます。

このコミュニティを通じて、患者さんと医師の共通の関心事について議論することができます。 最初からオープンソースで始めようと考えている人にとって、これは容易なことではないと思い ますので、Medic Coin チームはあなた方をサポートすることにしました。開発されている多くの HER がありますが、このセクションでは Medic EMR に焦点を当てていきます。この HER は、患者さんが 自らの健康情報を管理できるプライバシーの問題に主に取り組んでいます。

Medic EMR

Medic EMR は OpenEMR の一部門です。私たちは OpenEMR をフォークし、サポートを提供し、それを Medic Coin と統合して Medic Coin のシステム体系を作りました。Medic EMR は、OpenEMR と同様に、 Medic IVE の 2 承認を受ける予定となっています。ユーザーは、Medic EMR と OpenEMR に真

に希望を持つことができます。Medic EMR が役立つ OpenEMR ソフトウェアの豊富な機能をいくつかご紹介します。

豊富な機能を備えたソリューション

ボランティアと貢献者からなる活発なコミュニティは、10年以上にわたって OpenEMR の重要な機能を維持してきました。30以上の言語サポート、多くのカスタマイズ、完全なデータ所有権・・・。さらに、サポートを必要とするユーザーは、10カ国以上の30以上のベンダーやボランティアサポートネットワークを利用することができます。

スケジューリング

アドバンスドスケジューリングでは、クリニックで、繰り返しのイベントを作成したり、チェックインによって 自動的に起こるワークフローを作成したり、患者さんに通知したりすることができます。

電子処方箋

処方箋を入力し、ネットワークを使って患者さんの薬局に送ります。

医療費請求

X12を含む標準化された形式で、請求データをエクスポートします。

CMS レポート

たった数回のクリックで、CMS の Meaningful Use レポートを作成します。

検査室の統合

オーダーを自動的に検査室に送付し、その結果を自動的に患者さんのチャートに組み込みます。

臨床決定ルール

臨床決定ルール・エンジンを使用して複雑な患者さんの病態アルゴリズムをナビゲートし、患者さんのケアの質を高めます。

高度なセキュリティ

HIPAA に適合した、きめ細かなアクセス制御オブジェクトおよび業界標準のパスワードハッシュは、不正侵入から実務を守るのに役立ちます。

多言語サポート

30種類以上の言語で使用でき、カスタマイズ可能な言語を追加できます。

メディック EMR は、ブロックチェーン機能を備えたオープンソースの EMR です。Medic Coin 支払いシステムの統合により、患者さんは医師に医療費を支払うことができます。医師の側は、Medic Coin で血圧や糖尿病を適切に管理できている患者さんに報酬を与えることができます。製薬会社は医師に Medic Coin でデータマイニングに対して報酬を支払うことができます。

Medic Phone 遠隔医療アプリケーション

Grandview Research Inc によると、世界の遠隔医療市場は 2025 年には 1,131 億 USドルに達すると 予測されています。

市場の主な要因には、慢性疾患の発生数の上昇やセルフケア需要の増加が含まれます。 また、遠隔医療市場の拡大に伴い、インターネット、仮想医療の普及、医療の集中化への要 望が高まり、コストの削減が期待されています。

バーチャル・メディスンは、救急室の訪問および治療を減らし、それによって市場の成長を増大させます。

遠隔医療市場は、プロダクツと地域に基づいてセグメント化されています。このサービスは、さまざまなプロバイダーが同じプラットフォームで通信するためのプライムチャネルを提供し、利用可能なすべてのデータを集中管理します。

遠隔医療が、単独医療を補助し、医療費を削減する方法が5つあります。

1. リモート分析サービスの使用。遠隔病理や遠隔診断のような遠隔分析サービスによって、高度に熟練した専門家がプールされた人材として働くことが可能になるので、コストは減少し、より質の高いケアに貢献することができます。これらのリモートサービスを使用することにより、小規

模のプロバイダーは、低コストで 24 時間以内にアクセスできます。小規模な施設では、病理学者または放射線科医を完全に占有させるのに十分な量がない場合があります。 遠隔医療では部分的雇用が可能になります。

2. 遠隔モニタリング技術。

以前は入院患者さんを病棟でモニタリングする必要があったものを、外来で行うことができるようになります。入院患者サービスを提供するコストが高いことを考えると、いくつかの形態のモニタリングを外来で行うことは、医療システムが負うコストを大幅に削減します。

3. スマートフォンによるモニタリング技術。

慢性疾患による合併症にかかる費用を削減します。例えば、体液貯留に起因する体重増加は、 心不全のためまもなく入院することになる兆候であることが多いです。日々の体重の情報にアク セスできる医療者は、危機的状況が発生する前に、体液貯留のある人が必要なケアを受ける のを手助けすることができます。

危機を回避することは、ケアの質を向上させ、コストを下げることにつながります。

- 4. 在宅ドリアージサービス。遠隔医療サービス(看護師とプライマリケア医師が担当する) による自宅でのドリアージサービスによって、必ずしも必要でない(そして費用のかかる) 救急科受 診を減らします。
- 5. 遠隔医療アポイントメント。これにより、プロバイダーは無駄になりかねない使われない能力を減らすことができます。多くのサービスでは、プロバイダーは現在の利用可能性に基づいて患者の受け入れを開始または停止することができます。この能力は他の方法での収入を生み出さないため、プロバイダーは

彼らが通常提供するよりも低い価格で、遠隔地の患者を訪問することができます。これにより、患者は低価格でケアを受けることができるため、システムコストが削減されます。

病院は遠隔医療でコストを削減することもできます:

1.再入院の削減

遠隔医療は、高い再入院率に対処するための病院の再入院削減プログラムとして重要な部分を占めています。慢性疾患から術後までの一連の患者さんのフォローアップケアおよびケア管理を改善することにより、彼らが再び入院する可能性を下げることができます。各患者さんのパラメータは、遠隔モニタリングをする看護師によってレビューされ、患者さんはそのパラメータの範囲外になったときには、その看護師が直ちに医療的介入をすることができました。

2.スタッフ活用の改善

医療システムがスタッフを医療施設全体により適切に配備し、システム全体にリソースの負荷を 分散することで、専門リソースへの負担を軽減しながらより多くの患者さんが遠隔医療を使えるよう になります。遠隔医療はまた、プロバイダーとプロバイダー間のコミュニケーションを改善し、患者さんのケアも改善することで、結果としてコストを削減することもできます。

3.予防的活動

遠隔医療は、定期的および簡便な入院を予防することにおいては、考え方を変える存在になりえます。

引用文献:

慢性ケア患者やメンタルヘルスに問題をかかえた患者を含む入院リスクの最も高い患者のモニタリングおよびケア。

FOLDING@HOME & MEDIC COIN

Medic の PoW 最終ブロックが終了すると、Folding @ Home が起動し、CPU / GPU によるタンパク質のフォールディング(構造解析)によって Medic Coin を獲得できるようになります。Folding @ home(FAH または F @ h とも記される)は、タンパク質のフォールディング(構造解析)やコンピュータによる医薬品設計およびその他の種類の分子動態学をシミュレートする疾患研究のための分散コンピューティングプロジェクトです。今日では、世界中のボランティアが所有するアイドル状態のパーソナルコンピュータのリソースを使用しています。何千人もの人々がこのプロジェクトの成功のために貢献しています[2]。F @ hソフトウェアは独立して実行され、スタンフォード大学 Pande ラボの Google Chrome クライアントを活用して医薬品設計を容易にしつつ、ウイルスには注意を払いながら医学および生物学研究を強化しています。あなたが日々の活動に忙しい間、コンピュータは、アルツハイマー病や悪性腫瘍、クロイツフェルト・ヤコブ病、嚢胞性線維症、ハンチントン病、鎌状赤血球症や 2 型糖尿病などのさまざまな病気を予防するために、医学および生物学研究者が突然変異の計算を加速するのを支援しようと忙しく働いています[12] [13] [14]。

Folding @ home は、スタンフォード大学 Pande ラボの Vijay Pande 教授の指導のもとに開発・運用されており、世界中のさまざまな科学研究機関と研究所が共有しています[1]。

このプロジェクトは、分散コンピューティングと科学研究のために、中央演算処理装置(CPU)とグラフィック処理装置(GPU)を使用した先駆け的存在です。このプロジェクトでは、従来のコンピューティング手法からパラダイムシフトした統計的シミュレーション手法を使用しています[5]。クライアント/サー

バーモデルのネットワークアーキテクチャの一環として、ボランティアに参加しているマシンはそれぞれシミュレーション(作業単位)を受け取り、それらを完成させてプロジェクトのデータベースサーバに戻します。ここでユニットは全体のシミュレーションにコンパイルされます。ボランティアは F @ h のウェブサイトで自らの貢献度を確認することができ、ボランティアに競争して参加してもらい、長期間プロジェクトに関与してもらうよう促します。

他の分散コンピューティングプロジェクトと同様に、Folding @ home は、クレジットシステムを通じてユーザーのプロジェクトへの貢献度を定量的に評価します。与えられたタンパク質プロジェクトのすべてのユニットは一様なベースクレジットを持ち、これは、プロジェクトが公開される前に、1 つまたは複数の作業単位を公式のリファレンス機械でベンチマークすることによって決定されます[17]。

Folding@home は、最新のマルチコ アプロセッサの並列コンピューティ ング能力を活用することができま

す。複数の CPU コアを同時に使用することで、はるかに高速に完全なシミュレーションを完了させられます。CPU コアは連携して、標準のユニプロセッサー・クライアントより高速に単一のワーク・ユニットを完成させます。この方法によって、より長いシミュレーション経路を今までと変わらない時間で実行できるようになり、また、大きなシミュレーションを別々の多くのプロセッサにスケーリングするという従来の困難を軽減できるようになるため、サイエンスの観点から大変役に立ちます[16]。各ユーザーは、それぞれの作業単位を完了したことに対して、基本ポイントを受け取りますが、パスキーを使用することで、より計算量が要求されるユニットまたは科学的優先度が高いユニットを確実かつ迅速に完成したことに対してのボーナスポイントを受け取ることができます[18] [19]。ユーザーは、複数のマシン上のクライアントによる作業のクレジットを受け取ることを試みます[17]。

Folding @ home は、世界最速のコンピューティングシステムの 1 つで、2018 年 1 月現在、約 135 ペタフロップスのスピード[6]を誇っています。大規模なコンピューティングネットワークから得られたこの性能により、以前に達成されたものより数千倍も長いタンパク質フォールディングのシミュレーション(それも計算コストの高い原子レベルでのシミュレーション)を研究者が実行することが可能になりました。2000 年 10 月 1 日の発足以来、Pande ラボは Folding @ home の直接的な成果として 139 の研究論文を発表しています[7]。プロジェクトのシミュレーション結果は実験とよく一致しています[8] [9] [10]。

InstantSend とは何か?

Instant Send は、即時のトランザクションが行われるようにする高度なサービスです。このシステムでは、インプットを特定のトランザクションに固定し、マスターノードネットワークの合意によって検証することができます。競合するトランザクションとブロックは拒否されます。マスターノードネットワークにより合意に達しない場合、トランザクションの検証は標準的なブロック承認によって行われます。Instant Send は、ビットコインといった他の暗号通貨のように、承認時間を長くすることなく、二重支払いの問題を解決することができます。

DarkSend の基礎

DarkSend は、あなたの資金の出どころを隠すことによって真の金銭的なプライバシーを提供します。あなたのウォレットのすべての Medic Coin は、異なる「インプット」から構成されており、別々のコインと考えることができます。DarkSend は先進的なプロセスを利用して、あなたのコインがウォレットを離れることなく、あなたの入力を別の2人の入力とミックスします。あなたは常に自分のお金を完全に支配できます。

DarkSend プロセスは次のように動作します:

DarkSend は、トランザクション入力を標準単位に分けることから始まります。

この単位は、0.01 Medic Coin、0.1 Medic Coin、1 Medic Coin、10 Medic Coinといった毎日使用する硬貨のような単位です。

ウォレットは、ネットワーク上の特別に構成されたソフトウェアノードに「マスターノード」と呼ばれる要求を出します。これらのマスターノードには、特定の単位をミックスさせようとすることが通知されます。

識別可能な情報はマスターノードに送信されないので、あなたが何者であるかは決して知られません。

重要:ウォレットには、これらの「変更アドレス」が 1000 個だけ含まれています。 ミキシングイベントが起こるたびに、あなたのアドレスの 1 つが使い尽くされます。

十分な数が使い尽くされると、ウォレットはより多くのアドレスを作成する必要があります。ただし、これは自動バックアップを有効にしている場合にのみ行うことができます。したがって、バックアップを無効にしているユーザーには、DarkSend は無効になります。

DarkSend がなければ、履歴の少ないトークンは、以前のトランザクションとの関連がないため、ネットワークが成長するにつれてますます価値の高いものになります。

代替可能性がなければ、特定のトークンが「レッドリスト」になり、過去のいずれかの時点で違法または不審な活動に使用されたことが判明した場合、価値の一部または全部を失うリスクがあります。

誰もが違法行為に関与したお金を保持したいとは思っていませんが、活動が行われた後、トークンは再び供給を行い、以前の違法行為と関係のない新しいユーザーに渡します。

この問題は、DarkSend の実装で取り除くことができ、これは Medic Coin ネットワークのコアプロトコルの一部として含まれています。

結び

MEDIC Coin は、ユニークな仮想通貨であり、いいことをして人生をより豊かにできる秘めた力を持っています。この世の成功には欠かせないものになるでしょう。 Medic Coin の所有者や投資家は、マスターノードの利益を享受すると同時に、より良い社会に貢献し、次世代のためにより良い未来を築くことになるのです。

引用文献:

- 1. Pande lab. "About Folding@home". Folding@home. Stanford University. Retrieved 2017-06-30.
- Pande lab (2012). "Folding@home homepage". Folding@home. Stanford University. Archived from the original on September 21, 2012. Retrieved July 8, 2013.
- 3. Vijay Pande (February 18, 2013). "New FAH client, web site, and video". Folding@home. typepad.com. Retrieved February 18, 2013.
- 4. Pande lab (August 2, 2012). "Folding@home Open Source FAQ". Folding@home. Stanford University. Archived from the original (FAQ) on September 21, 2012. Retrieved July 8, 2013.
- 5. Pande; K. Beauchamp; G. R. Bowman (2010). "Everything you wanted to know about Markov State Models but were afraid to ask". Methods. 52 (1): 99–105. doi:10.1016/j.ymeth.2010.06.002. PMC 2933958 Freely accessible. PMID 20570730.
- 6. Pande lab. "Client Statistics by OS". Stanford University. Retrieved 2018-01-02.
- 7. Pande lab (July 27, 2012). "Papers & Results from Folding@home". Folding@home. Stanford University. Archived from the original on September 21, 2012. Retrieved May 18, 2017.
- Vincent A. Voelz; Gregory R. Bowman; Kyle Beauchamp; Vijay S. Pande (2010). "Molecular simulation of ab initio protein folding for a millisecond folder NTL9(1–39)". Journal of the American Chemical Society. 132 (5): 1526–1528. doi:10.1021/ja9090353. PMC 2835335 Freely accessible. PMID 20070076.
- 9. Gregory R. Bowman; Vijay S. Pande (2010). "Protein folded states are kinetic hubs". Proceedings of the National Academy of Sciences. 107 (24): 10890. Bibcode:2010PNAS..10710890B. doi:10.1073/pnas.1003962107. PMC 2890711 Freely accessible. PMID 20534497.
- Christopher D. Snow; Houbi Ngyen; Vijay S. Pande; Martin Gruebele (2002). "Absolute comparison of simulated and experimental protein-folding dynamics" (PDF). Nature. 420 (6911): 102–106. Bibcode:2002Natur.420..102S. doi:10.1038/nature01160. PMID 12422224.
- Fabrizio Marinelli, Fabio Pietrucci, Alessandro Laio, Stefano Piana (2009). Pande, Vijay S., ed. "A Kinetic Model of Trp-Cage Folding from Multiple Biased Molecular Dynamics Simulations". PLoS Computational Biology. 5: e1000452. Bibcode:2009PLSCB...5E0452M. doi:10.1371/journal.pcbi.1000452. PMC 2711228 Freely accessible. PMID 19662155.
- 12. "So Much More to Know". Science. 309 (5731): 78-102. 2005. doi:10.1126/science.309.5731.78b. PMID 15994524.
- 13. Heath Ecroyd; John A. Carver (2008). "Unraveling the mysteries of protein folding and misfolding". IUBMB Life (review). 60 (12): 769–774. doi:10.1002/iub.117. PMID 18767168.
- Yiwen Chen; Feng Ding; Huifen Nie; Adrian W. Serohijos; Shantanu Sharma; Kyle C. Wilcox; Shuangye Yin; Nikolay V. Dokholyan (2008). "Protein folding: Then and now". Archives of Biochemistry and Biophysics. 469 (1): 4–19. doi:10.1016/j.abb.2007.05.014. PMC 2173875 Freely accessible. PMID 17585870.
- 15. Leila M Luheshi; Damian Crowther; Christopher Dobson (2008). "Protein misfolding and disease: from the test tube to the organism".

Current Opinion in Chemical Biology. 12 (1): 25–31. doi:10.1016/j.cbpa.2008.02.011. PMID 18295611.

- C. D. Snow; E. J. Sorin; Y. M. Rhee; V. S.
 Pande. (2005). "How well can simulation predict protein folding kinetics and thermodynamics?". Annual Review of Biophysics (review). 34: 43–69. doi:10.1146/annurev.biophys.34.040204.144447. PMID 15869383.
- 17. A. Verma; S.M. Gopal; A. Schug; J.S. Oh; K.V. Klenin; K.H. Lee; W. Wenzel (2008). Massively Parallel All Atom Protein Folding in a Single Day. Advances in Parallel Computing. 15. pp. 527–534. ISBN 978-1-58603-796-3. ISSN 0927-5452.
- 18. Vijay S. Pande; Ian Baker; Jarrod Chapman; Sidney P. Elmer; Siraj Khaliq; Stefan M. Larson; Young Min Rhee; Michael R. Shirts; Christopher D. Snow; Eric J. Sorin; Bojan Zagrovic (2002). "Atomistic protein folding simulations on the submillisecond timescale using worldwide distributed computing". Biopolymers. 68 (1): 91–109. doi:10.1002/bip.10219. PMID 12579582.
- Bowman; V. Volez; V. S. Pande (2011). "Taming the complexity of protein folding". Current Opinion in Structural Biology. 21 (1): 4–11. doi:10.1016/j.sbi.2010.10.006. PMC 3042729 Freely accessible. PMID 21081274.
- 20. Chodera, John D.; Swope, William C.; Pitera, Jed W.; Dill, Ken A. (1 January 2006). "Long-Time Protein Folding Dynamics from ShortTime Molecular Dynamics Simulations". Multiscale Modeling & Simulation. 5 (4): 1214–1226. doi:10.1137/06065146X.
- 21. Robert B Best (2012). "Atomistic molecular simulations of protein folding". Current Opinion in Structural Biology (review). 22 (1): 52–61. doi:10.1016/j.sbi.2011.12.001. PMID 22257762.
- 22. Lane; Gregory Bowman; Robert McGibbon; Christian Schwantes; Vijay Pande; Bruce Borden (September 10, 2012). "Folding@homeSimulation FAQ". Folding@home. Stanford University. Archived from the original on September 21, 2012. Retrieved July 8, 2013.
- 23. Jump up ^ Gregory R. Bowman; Daniel L. Ensign; Vijay S. Pande (2010). "Enhanced Modeling via Network Theory: Adaptive Samplingof Markov State Models". Journal of Chemical Theory and Computation. 6 (3): 787–794. doi:10.1021/ct900620b.
- 24. Jump up ^ Vijay Pande (June 8, 2012). "FAHcon 2012: Thinking about how far FAH has come". Folding@home. typepad.com. Archived from the original on September 21, 2012. Retrieved June 12, 2012.
- 25. Kyle A. Beauchamp; Daniel L. Ensign; Rhiju Das; Vijay S. Pande (2011). "Quantitative comparison of villin headpiece subdomain simulations and triplet—triplet energy transfer experiments". Proceedings of the National Academy of Sciences. 108 (31): 12734. Bibcode:2011PNAS..10812734B. doi:10.1073/pnas.1010880108. PMC 3150881 Freely accessible. PMID 21768345.