https://repozitorij.pmfst.unist.hr/user/profile/mbz/216094

Vrijeme izvoza: 28.03.2024. 17:33:03
Repozitorij: repozitorij.pmfst.unist.hr
Ukupan broj zapisa na URL-u: 66
Broj izvezenih zapisa: 66

Naslov	URL	Autori	Naslov izvornika
Multiple simultaneous docking of small molecules in butyrylcholinesterase active site using deep reinforcement learning		Sente, Filip	
Utjecaj sastava gangliozida na ekspresiju, submembransku lokalizaciju i aktivnost Na+, K+-ATPaze i Ca2+-ATPaze stanične membrane u mozgu miša		Puljko, Borna	
Analiza mitohondrijskog genoma kod pacijenata s teškim oblikom bolesti COVID-19		Zec, Andro	
VALIDACIJA MJERENJA FRAKCIONIRANE TEMPERATURE IZDAHA TE NJEZINA POVEZANOST S RAZLIČITIM ENDOGENIM, EGZOGENIM I OKOLIŠNIM ČIMBENICIMA U ZDRAVIH ISPITANIKA		Huljev Šipoš, Ivana	
GENOME-WIDE ASSOCIATION STUDY OF THE HUMAN IMMUNOGLOBULIN G N-GLYCOME		Frkatović, Azra	
Reconstruction of the Last Eukaryotic Common Ancestor by cladistic and phylogenetic approach		Skejo, Josip	
Makroevolucijska povijest glikozilacije i biostatistička analiza utjecaja okolišnih čimbenika na N-glikozilaciju imunoglobulina G		Kifer, Domagoj	
Funkcionalna analiza metagenoma bioreaktora s djelomičnom reakcijom nitritacije i anaerobne oksidacije amonijaka		Zvjerković, Dora	
Određivanje ishodišne stanice tumora na temelju raspodjele različitih tipova mutacija		Bakšić, Ivan	
Evolucijska, biokemijska i biološka karakterizacija proteina DRG1 iz spužve Eunapius subterraneus		Beljan, Silvestar	
Mitohondrijski genom pacijenata oboljelih od bolesti COVID-19 u Hrvatskoj		Mamić, Antonija	

A genome-wide association study of maternal genetic effects in autism spectrum disorder		Vučinić, Kim	
A genome-wide association study of maternal genetic effects in autism spectrum disorder		Vučinić, Kim	
Identification and characterization of transposable elements in sponges (Porifera)		Kuzman, Maja	
Računalna analiza dugih nekodirajućih RNA ogulinske špiljske spužvice (Eunapius subterraneus)		Bodulić, Kristian	
Prediktivno modeliranje retroviralnih integracija virusa HIV-1 u aktivirane CD4+ T stanice		Martinović, Moreno	
Odabir najinformativnijih genomskih regija za određivanje ishodišnih stanica melanoma metodama strojnog učenja		Volarić, Marin	
Računalna analiza retrotranspozona MT kod sojeva miševa C57BL/6J i PWK/PHJ		Štancl, Paula	
Mehanizmi interakcija ljudskog albumina i kaprilne kiseline in silico		Srezović Bijelić, Bruno	
Računalna klasifikacija uzoraka mikrobnih zajednica probavnog trakta kod ljudi sa zdravom i bolesnom jetrom		Pavlinek, Eva	
Genetic polymorphisms associated with the response to asthma treatment in children		Banić, Ivana	
Dynamics of Exhaled Breath Temperature after Smoking a Cigarette and its Association with Lung Function Changes Predictive of COPD Risk in Smokers: a Cross-sectional Study		Huljev Šipoš, Ivana; Labor, Slavica; Jurić, Iva; Plavec, Davor; Vlahoviček, Kristian; Bogović, Siniša; Pavkov Vukelić, Justinija; Labor, Marina	
Računalna optimizacija sljedova genomske DNA spužve Eunapius subterraneus sekvenciranih tehnologijom nanopora		Jelić Matošević, Zoe	
Sekvenciranje tehnologijom nanopora i sklapanje genoma ogulinske špiljske spužvice Eunapius subterraneus		Glavaš, Dunja	
coRdon: an R package for codon usage analysis and prediction of gene expressivity		Elek, Anamaria	
Changes of immunoglobulin G glycosylation with age		Krištić, Jasminka	
Pojačana ekspresija te pročišćavanje proteina CrdB i određivanje uvjeta kristalizacije proteina HP1026 bakterije Helicobacter pylori		Švorinić, Andrea	

Populacijska specifičnost glikozilacije imunoglobulina G		Štambuk, Jerko	
Računalna analiza knjižnica dobivenih metodama sekvenciranja sintezom prema kalupu i sekvenciranja nanoporama		Habulin, Dunja	
Sklapanje genoma ogulinske špiljske spužvice (Eunapius subterraneus) iz podataka dobivenih tehnologijom sekvenciranja nanoporama		Šribar, Dora	
Evolucija i funkcija traspozona MT, specifičnih za glodavce		Franke, Vedran	
Metode normalizacije i korekcije u visoko-protočnoj glikomici		Vučković, Frano	
Povezanost varijanti gena za katehol-o-metil transferazu s poremećajem kognitivnih funkcija u shizofreniji		Tkalčec, Ana	
Analiza N-glikoma imunoglobulina G u blizanaca s križoboljom		Vučenović, Dunja	
Računalna analiza metagenoma probavnog sustava bolesnika s cirozom jetre		Fabijanić, Maja	
Računalne simulacije kompleksa derivata ibuprofena i naproksena s acil-CoA tioesterazom I (TesA) iz bakterije Pseudomonas aeruginosa		Ilić, Krunoslav	
Genomika spužava i podrijetlo kompleksnosti životinja		Roller Milošević., Maša	
Diferencijalna analiza proteoma staničnih linija karcinoma pločastih stanica jezika Cal27 i Cal27-2B1		Faraho, Ivan	
Experimental methods in functional genomics		Mikičić, Ivan	
Odabrane metode strojnog učenja i njihova primjena u molekularnoj biologiji		Acman, Mislav	
Povezanost polimorfizama u mitohondrijskoj DNA s biološkim pokazateljima starenja i mineralnom koštanom gustoćom		Anterić, Ivana	
Genetička raznolikost i genska identifikacija slatkovodnih vrsta mahovnjaka Hrvatske (Bryozoa: Gymnolaemata, Phylactolaemata)		Koletić, Nikola	
Bioinformatičke metode sastavljanja genoma de novo		Glavaš, Dunja	
Petrijeve mreže u biologiji		Škrobot, Matej	
Povijesni i aktualni pregled koncepta gena		Babarović, Frane	
Computational analysis of human plasma N-glycome and genotypes		Pedrosa Pinto, Ana Sofia	
Analiza ekspresije genske regulacije tijekom ranog razvoja miša		Kozić, Zrinko	

Istraživanje supstratne specifičnosti acil-CoA tioesteraze I iz bakterije Pseudomonas aeruginosa korištenjem simulacije molekularne dinamike		Petrović, Saša	
Stanišna uvjetovanost raznolikosti faune mrava Dinare		Božić, Boris	
Korelacija filogenije i ontogenije u modelnim biljnim organizmima na temelju indeksa starosti transkriptoma		Matejčić, Marija	
Genska ekspresija i filogenija MATE (Multidrug and toxin extrusion) proteina u zebrici, Danio rerio (Hamilton, 1822)		Krznar, Petra	
Sekvenciranje nove generacije		Vučenović, Dunja	
Modeliranje stabilnosti heksamernog i dimernog oblika purinske nukleozidne fosforilaze iz bakterije Escherichia coli		Hajnić, Matea	
Proširenje funkcionalnosti sustava MADNet s analizom i vizualizacijom vremenski ovisnih pokusa		Milas, Ivan	
Polimorfizmi gena za serotoninski receptor tipa 2A i gena za upalne citokine u bolesnika s Alzheimerovom bolešću		Komljenović, Andrea	
Molekularno-filogenetski odnosi unutar roda Rana (Amphibia, Ranidae)na osnovi metode RFLP i analize sekvenci za 16S, cytb i ITS2		Korlević, Petra	
Računalna analiza obrazaca poliadenilacije glasničke RNA u genomu kralješnjaka		Barilar, Ivan	
Računalna karakterizacija kompleksa transkripcijskih faktora s ulogom u regulaciji diferencijacije eritrocita		Sumić, Sara	
Utjecaj izoformi gena p73 na metiliranja DNA u stanicama raka		Tučkar, Neven	
Računalna analiza upotrebe kodona u genomima 24 vrste bakterija fiksatora dušika		Jolić, Dino	
Računalna analiza glikoma krvne plazme i genotipa ljudskih populacija		Tica, Jelena	
Kloniranje, prekomjerna ekspresija te pročišćavanje molekula tRNAIle i tRNAVal iz bakterije Escherichia coli		Cvetešić, Nevena	
Predviđanje protein-protein interakcija iz primarne strukture putem "Random Forest" klasifikatora		Franke, Vedran	
Analiza metagenoma ekstremnih okoliša		Roller Milošević, Maša	
Evolucija satelitnih DNA u vrstama oblića roda Meloidogyne		Korlević, Marino	

Računalna metoda za predviđanje mjesta proteinske interakcije		Šikić, Mile	