

# タンパク質立体構造予測の最前線

## Frontier of Protein Structure Prediction

主催：  創薬等支援技術基盤プラットフォーム [情報拠点](#)

Platform for Drug Discovery, Informatics, and Structural Life Science

Organized by: Platform for Drug Discovery, Informatics, and Structural Life Science – Informatics Core

日時：2013年2月21日（木）13時～17時

Date: 13:00 – 17:00, 21st, Feb., 2013

場所：[お茶の水女子大学](#)理学部3号館2階会議室  
(キャンパスマップにおける20番の建物)

Venue: Conference Room, 2nd Floor, Science Building 3, [Ochanomizu Univ.](#)  
(Building #20 on the campus map)

概要：ゲノム塩基配列の解析により、たくさんのアミノ酸配列が明らかになりました。これらがどのような立体構造を形成するかは、構造既知タンパク質とアミノ酸配列の類似性が見られる場合には、コンパラティブモデリングにより、おおまかな構造がわかりますが、その詳細を知るのは容易ではありません。

また、アミノ酸配列に類似性が見られない場合は、立体構造予測は困難です。これらの困難を乗り越える研究が世界中で行われており、2年ごとに世界大会CASPが開催されています。昨年12月に第10回が開催され、日本からも多くの研究者が参加しました。

そこで本会合では、タンパク質立体構造予測の最前線をCASP10に参加した方々に講演をしていただき、立体構造予測がどこまでできているのかを概観した上で、予測構造が生命科学研究の要求に耐えられる精度にするために、どのようなことをすればよいのかを議論していただく予定です。

みなさまのご参加をお待ちしています。

講演者：中村周吾（東大）、石田貴士（東工大）、富井健太郎（CBRC）、  
岩館満雄（中央大）、由良敬（お茶大）、その他

連絡先：p4d-info [AT] nig.ac.jp

注：情報拠点は「構造生命科学データクラウドの構築運用と高度化」の課題を実施しています。

以上