

Web会議システム
ZOOMによる
オンライン講習会

参加費：無料
事前登録：要

創薬のための タンパク質構造 インフォマティクス

2021年

2月19日(金)

13:30～17:00 (13:00より受付開始)

講習会概要

近年、抗体医薬品をはじめとしたバイオ医薬品の躍進により、創薬におけるタンパク質科学の重要性が高まっています。特にタンパク質の構造や機能の改変を理論的に予測・設計する情報生物学的方法は、今後の創薬研究に必須の手法となることが期待されます。この講習会では創薬支援のためにタンパク質構造インフォマティクスをテーマとして、疾患関連変異のマッピング・デノボデザイン・抗体デザインなどに利用可能な最新の手法やデータベースを、簡単な実習を交えて解説することを目的とします。

講師

土方 敦司 (長浜バイオ大学) ……「Mutation@A Glance によるヒト疾患ゲノム変異解析」
森脇 由隆 (東京大学) ……「アミノ酸配列からのタンパク質構造予測手法」
三井情報株式会社 創薬事業室 ……「MKI-DryLab を活用した大規模抗体ライブラリからのクローン選択・評価の実践」

世話人

白井 剛 (BINDS プラットフォーム機能最適化ユニット)

下記URLまたはQRコードからお申し込みください

<http://www.vaprosforum.org/nKwqK9TEsBe/>

- ※ 当講習会へのご参加申し込みにつきましては、こちらのサイトからよろしくお願いいたします。
- ※ 折り返し、ZOOM URL などのご案内等をお送りいたします。
- ※ ご入力頂きました個人情報、参加者への事務連絡、統計分析以外には使用いたしません。



お問い合わせ先

創薬等先端技術支援基盤プラットフォーム
Basis for Supporting Innovative Drug Discovery and Life Science Research

プラットフォーム機能最適化ユニット

✉ t.shirai@nagahama-i-bio.ac.jp

TEL: 0749-64-8117 / FAX: 0749-64-8140

BINDS HPはこちら



プログラム

13:30 - 13:35

善光 龍哉 (AMED 一国立研究開発法人日本医療研究開発機構一)

■開会挨拶

13:35 - 13:40

白井 剛 (BINDSプラットフォーム機能最適化ユニット)

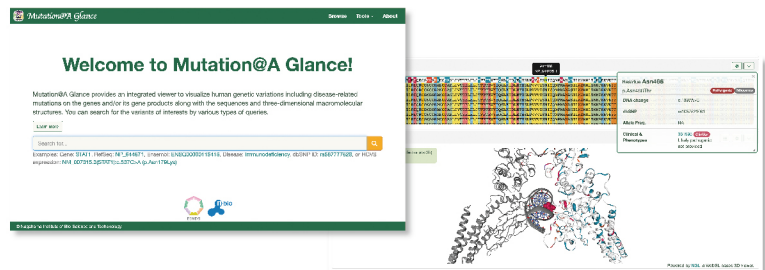
■講習会の進め方

13:40 - 14:40

土方 敦司 (長浜バイオ大学フロンティアバイオサイエンス学科)

■Mutation@A Glance によるヒト疾患ゲノム変異解析

超高速シーケンサの台頭により、膨大なゲノムバリエーションの情報が公的データベースなどに集積しています。ゲノムバリエーションは、疾患や薬の副作用の出やすさなどの表現型と関係していることがあるため、創薬や医療にとっても有用な情報となっています。特に、タンパク質やその複合体の立体構造情報は、ゲノムバリエーションと表現型との結びつきを分子レベルで理解する上で重要です。Mutation@A Glance は、ゲノム配列、アミノ酸配列およびタンパク質立体構造上にヒトゲノムバリエーションをマップして解析できるウェブツールです。本講習会では、立体構造情報を通じた疾患変異解析について解説し、いくつかの具体例について実習形式で Mutation@A Glance の使い方を体験していただきます。



14:40 - 15:40

森脇 由隆 (東京大学大学院農学生命科学研究科)

■アミノ酸配列からのタンパク質構造予測手法

タンパク質は基本的には種類のアミノ酸によって構成されているにも関わらず、その長さの変異性ととりうる構造によって非常に多くの機能を発揮することができます。また、タンパク質はわずか 1 アミノ酸の変異がその機能に大きな影響を及ぼすこともある一方で、配列相同性が低い 2 つのアミノ酸配列がタンパク質としてはほぼ同等の機能を持つという場合も往々にして存在します。これらを正確に区別するためには、アミノ酸配列としてではなく、タンパク質の立体構造情報が必要ですが、1 つのタンパク質について実験的に立体構造を決定するコストは極めて高いことから、バイオインフォマティクスによる構造予測技術の発展が長年望まれています。

本講習会ではこのタンパク質構造の予想に向けて現在よく使われている最新の構造予測手法を 2 通りに分けて紹介します。1 つは類縁構造がデータベース上に存在する場合に用いられる HHPred、もう 1 つは類縁構造が存在しない場合に用いられる RaptorX-3DModeling です。これらの利用法と結果、原理と使用上の注意点について解説します。

15:40 - 17:00

三井情報株式会社 創薬事業室

■MKI-DryLab を活用した大規模抗体ライブラリからのクローン選択・評価の実践

近年、抗体創薬の現場においては、ファージライブラリや cDNA ライブラリ等の大規模抗体ライブラリを用いてヒット抗体をスクリーニングすることが一般的となってきています。一方で、これらのライブラリから出力される大量の NGS 解析データ (配列情報) から合理的にヒットクローンを抽出するアプリケーションは十分整備されておりません。弊社クラウドソリューションである MKI-DryLab は、大規模抗体ライブラリのスクリーニングの結果得られた、NGS 解析データ群から、抗体特有の選定アルゴリズムを用いて抗体構造の妥当性やエピトープ多様性を鑑みたヒットクローンの選出が可能となります。本セッションでは MKI-DryLab を用いた抗体インフォマティクス解析の実習を行います。

