

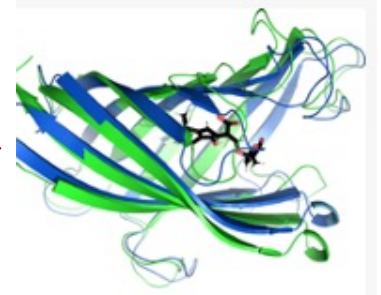
森脇由隆 助教

応用生命工学専攻 生物情報工学研究室

```
>Protein X  
MLFVVSSHVQGVEANLTK  
LCPGNVTSRGVCGNSGVQ  
SCVTAISKKLHKDRRLCS  
CLCKIHEGHRFCPCVCKC
```



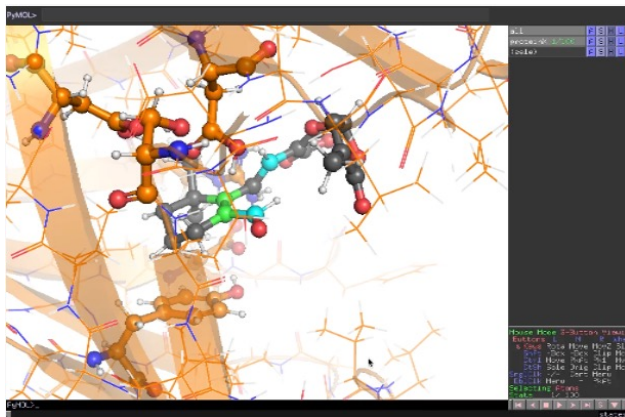
計算機



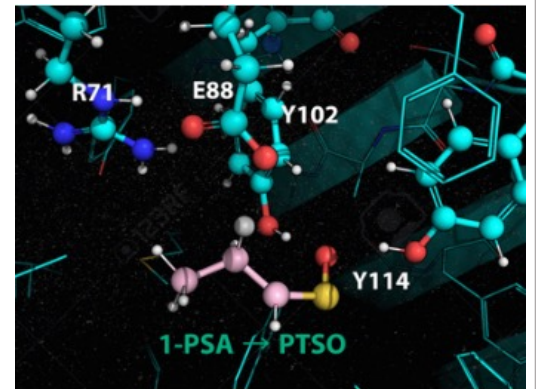
■ AlphaFold model
■ after equilibration

予測されたタンパク質立体構造

植物・微生物由来の
未知のタンパク質のアミノ酸配列



タンパク質とリガンドの
分子動力学シミュレーション



酵素内化学反応の
シミュレーション

研究目的

- 物理学的・情報学的手法による**タンパク質の機能解析**
- **未知のタンパク質に結合する分子の予想**
- 遺伝子クラスタがコードするタンパク質と**代謝産物の予想**

多様な微生物・植物が作り出すタンパク質の予測構造情報が手軽に入手できるようになった2020年以降、これらを計算機上で取り扱うことで代謝産物や活用方法を高速に考案する時代に入っていくと予想されます。こうした時代に沿った生命科学の研究を行っています。