

第4回 バイオインフォマティクス講習会

計算創薬技術セミナー

「AlphaFold を活用したタンパク質立体構造の予測と創薬応用」《講義》

近年、DNA 配列の解析は飛躍的に高速化し、微生物などでは一度の分析ですべての配列情報が決定できるほどの膨大なデータを得ることが可能となっています。しかし、大量の計測データを活用するためには複数のアプリケーションを効率よく利用し、適切に処理する必要があります。今回はタンパク質の構造解析方法としてアミノ酸の配列情報からタンパク質の立体構造を予測する AI「AlphaFold」の活用、低分子・生体高分子間相互作用における複合体の安定構造をコンピュータ上で計算的に推定する手法であるドッキングシミュレーションによる創薬応用について講義を行います。

日 時 令和6年11月19日（火）13:00～16:00

場 所 地方独立行政法人 京都市産業技術研究所2階ホール
(京都市下京区中堂寺栗田町91 京都リサーチパーク9号館南棟)

内 容

- タンパク質の構造解析方法
 - ・構造解析実験手法
 - ・データベース
- 構造モデリング手法と AlphaFold について
 - ・構造モデリング手法
 - ・AlphaFold
- ドッキングシミュレーションによる相互作用解析
 - ・化合物構造データ
 - ・ドッキングシミュレーション
 - ・MD シミュレーション

講師 三井情報株式会社 ICTコア第三技術本部
バイオヘルスケア技術部 畑 宏明 氏、栗林 貴明 氏

対象者 企業技術者、大学（教員、学生）、公設研究機関研究者等

定 員 30名 ※先着順（申込者多数の場合、主催者側で調整させていただく場合がございます。）

参加費 無料

開催形式 対面形式のみ（オンライン配信は行いません。）

申込方法 次の1～6事項を明記のうえ、以下のアドレス宛にメールでお申し込みください。

【アドレス】 kist-bic@tc-kyoto.or.jp

【件 名】 第4回バイオインフォマティクス講習会 参加申込

【本 文】 1.お名前(ふりがな) 2.ご所属(企業名、大学名等) 3.部署・役職

4.メールアドレス 5.電話番号 6.当該手法の経験の有無（有・無）

■申込締切 令和6年11月18日（月）

主 催 (地独)京都市産業技術研究所、京都市、Block 分析・計測分科会

後 援 バイオコミュニティ関西



kist-bic@tc-kyoto.or.jp