

大学院 生命情報特別講義第四

次世代生物学のためのバイオインフォマティクス — 生物についての大きな未解決問題の解決に向けて —

講師：美宅 成樹 氏 (Prof. Shigeki Mitaku)

名古屋大学工学部名誉教授、豊田理化学研究所客員フェロー

10月29日(水) 3~10時限(10:45~) 場所：

11月05日(水) 3~9時限(10:45~) B224 講義室

【内容】

タンパク質・遺伝子配列からの構造・機能予測を中心としたバイオインフォマティクスに関し、原理の詳細・ソフトウェアシステムを含めわかりやすく解説する。

生物という柔らかい機械の原理・基礎・応用という観点からの最先端の新しい展開も紹介する。

ゲノム解析を中心とした生物系ビッグデータにより、生物学は新しいステージに踏み出しつつある。情報解析の方向性としては、ボトムアップとトップダウンの統合、メカニズム解明と統計的アプローチの統合、配列空間と実体空間の統合的情報処理、生物の多様性と複雑さのシミュレーションが考えられる。次のようなオープン問題を解決することになるであろう、次世代生物学に向けて議論したい。

(1) 生物の起原・進化・多様性、(2) 生体分子の構造形成と機能相関、(3) 多様な部品を調和的に組み合わせる生命システム、(4) ゲノムと環境と疾患、(5) 意識・精神活動。

【オープンセミナー】11月05日(水) 15:00~16:30 (講義時間中)

大容量情報時代の次世代生物学

— 生物学における禪問答 —

【講師紹介】

美宅成樹氏は、アミノ酸・遺伝子配列から構造・機能を予測するバイオインフォマティクス分野において、国際的に高い評価を受けている。SOSUI と名付けられた疎水タンパク質構造予測が特に有名であり、初報の引用数は超一流論文の1,000を超えている。従来のデータベース依存の経験的予測とは異なる、原理的で簡潔な方法で精度を大幅に向上し、大きなインパクトを与えた。疾患リスクを高精度で予測する、新しい構造・機能予測解析システムの構築へと発展させている。

受講生以外の院・学部生や教職員の方々の聴講も歓迎します。

連絡先：生命情報 徳永万喜洋
(内線 5711)

