

研究タイトル:

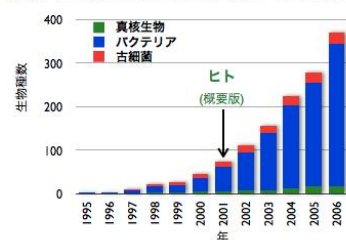
# バイオインフォマティクスアプローチによる 膜タンパク質の機能解析

|                 |   |         |                         |
|-----------------|---|---------|-------------------------|
| 氏名:             | 井上 泰仁<br>INOUE Yasuhito   | E-mail: | yinoue@maizuru-ct.ac.jp |
| 職名:             | 准教授   | 学位:     | 博士(工学)                  |
| 所属学会・協会:        | 日本バイオインフォマティクス学会, 日本生物物理学会,<br>International Society for Computational Biology, 情報処理学会,<br>NPO 法人高専プロコン交流育成協会 |         |                         |
| キーワード:          | バイオインフォマティクス, 遺伝子, 膜タンパク質, データベース   |         |                         |
| 技術相談<br>提供可能技術: | ・バイオインフォマティクスアプローチによる膜タンパク質の機能予測、解析<br>・データベースの構築、公開  |         |                         |

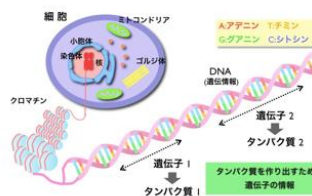
## 研究内容: バイオインフォマティクスアプローチによる膜タンパク質の機能解析

これまでに全遺伝情報の解読された生物種は 300 種以上に上る。膨大な量の遺伝情報から産出されたタンパク質の情報も多く、タンパク質の機能、および、立体構造が未知である。膜タンパク質は、生体膜内外の物質輸送、情報伝達などの生命活動に重要な役割を果たしている。膜タンパク質が関与している疾患も多い一方で、膜タンパク質の機能はよく調べられていない。そのため、コンピュータを用いて、膜タンパク質とその機能、病態の解明を目指している。

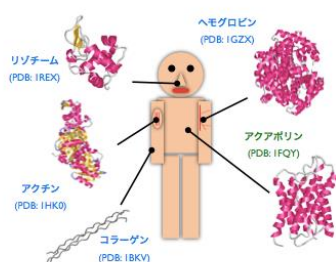
(a) 全遺伝情報解読完了済みの生物種数



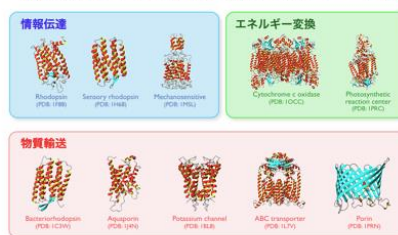
(b) 全遺伝情報にはタンパク質を作りだすための情報が記述されている



(c) ヒトのタンパク質



(d) 機能と立体構造が既知の膜タンパク質



機能既知、構造既知の膜タンパク質は少ない  
→ コンピュータを用いて、機能、構造を予測

また、世界中の研究者が利用できるように、解析した情報をデータベース、および、予測システムなどの形で、インターネット上に公開する予定である。

### 提供可能な設備・機器:

#### 名称・型番(メーカー)

| 名称・型番(メーカー) |  |
|-------------|--|
|             |  |
|             |  |
|             |  |
|             |  |
|             |  |