

## 2011 年度 中央大学特定課題研究費 一研究報告書一

所属	理工学部	身分	准教授
氏名	岩館 満雄		
NAME	Mitsuo Iwadate		

## 1. 研究課題

(和文) タンパク質立体構造データベースおよびモデリングサービスの提供

(英文) Protein structure database and providing modeling service

## 2. 研究期間

2年間

## 3. 研究の概要 (背景・目的・研究計画・内容および成果 和文 600 字程度、英文 50word 程度)

(和文)

タンパク質の全自動立体構造モデリングのソフトウェア FAMS はアミノ酸の配列の情報から三次元の立体構造情報を立ち上げることができ、真核生物から原核生物、ウイルス等も含めてゲノムの任意のアミノ酸配列に関してかなり割合で立体構造を提供することができるようになってきている。この現状を踏まえてこれまで理化学研究所において立体構造のデータベースである RIKEN FAMSBASE を構築し、更新維持してきた。これを中央大学のサーバーとして公開を行った。

<http://fams.bio.chuo-u.ac.jp/RIKEN/>

さらに、タンパク質の立体構造モデルのデータベースとしての提供は医療や生命科学の研究においても重要な役割を担うようになってきている。またデータベース以外にも、実際にタンパク質を扱う実験の研究者の要望で個別に立体構造をモデリングするサービスも北里大学で続けてきたが (FAMS モデリングサービス)、これに関しても中央大学でのサービスを開始した。

<http://fams.bio.chuo-u.ac.jp/fams/>

各種、国際コンテストに出場することによって、ソフトウェアの優秀さを学外に示してきた。

(英文)

RIKEN FAMSBASE service has been opened.

FAMS modeling service has been opened.

Participating International contest CASP and CAPRI, FAMS appear the performances.

4. おもな発表論文等 (予定を含む)

<p>【学術論文】 (著者名、論文題目、誌名、査読の有無、巻号、頁、発行年月)</p> <p>Rocco Moretti, Sarel J. Fleishman, Rudi Agius, Mieczyslaw Torchala, Paul A Bates, Panagiotis L. Kastritis, João P. G. L. M. Rodrigues, Mikael Trellet, Alexandre M. J. J. Bonvin, Meng Cui, Marianne Rooman, Dimitri Gillis, Yves Dehouck, Iain Moal, Miguel Romero, Laura Perez-Cano, Chiara Pallara, Brian Jimenez, Juan Fernandez-Recio, Samuel Flores, Michael Pacella, Krishna Praneeth Kilambi, and Jeffrey J. Gray Sergei Grudin Hideaki Umeyama, <u>Mitsuo Iwadate</u>, Juan Esquivel-Rodríguez, Daisuke Kihara Nan Zhao, Dmitry Korkin Xiaolei Zhu, Omar NA Demerdash, Julie C Mitchell Haruki Nakamura Hasup Lee, Hahnbeom Park, Chaok Seok, Daron Standley, Hiromitsu Shimoyama, Genki Terashi and Mayuko Takeda-Shitaka, Dmitri Beglov, David R. Hall, Dima Kozakov, Sandor Vajda, Brian G. Pierce, Howook Hwang, Thom Vreven, Zhiping Weng, Yangyu Huang, Haotian Li, Xiufeng Yang, Xiaofeng Ji, Shiyong Liu, Yi Xiao, Martin Zacharias Sanbo Qin, Huan-Xiang Zhou Sheng-You Huang, Xiaojin Zou Sameer Velankar<sup>1</sup>, Joël Janin<sup>2</sup>, Shoshana J. Wodak<sup>3</sup> David Baker</p> <p>Community-wide Evaluation of Methods for Predicting the Effect of Mutations on Protein-Protein Interactions, Proteins, 査読有、2013年発行予定</p>
<p>【学会発表】 (発表者名、発表題目、学会名、開催地、開催年月)</p> <p>佐藤亘, 宮下貴弘, 梅山秀明, 岩館満雄、ホモロジーモデリング法の複数のコンセンサス法による構造選択の評価と二次構造相対配置最適化、第40回構造活性相関シンポジウム、岡崎市図書館交流プラザ・りぶら、2012年11月</p> <p>吉山晃太郎, 松岡美里, 加納和彦, 小松克一郎, 梅山秀明, 岩館満雄、バイオインフォマティクス観点からのターゲットタンパク質に対するリガンド結合部位の探索方法の開発、第40回構造活性相関シンポジウム、岡崎市図書館交流プラザ・りぶら、2012年11月</p> <p>宮下貴弘, 梅山秀明, 岩館満雄、Optimization for placement of secondary structures and multiple consensus selection for structures obtained from homology modeling、生命医薬情報学連合大会、タワーホール船堀、2012年10月</p>
<p>【図 書】 (著者名、出版社名、書名、刊行年)</p> <p>なし</p>
<p>【その他】 (知的財産権、ニュースリリース等)</p> <p>ウェブサイト <a href="http://fams.bio.chuo-u.ac.jp/RIKEN/">http://fams.bio.chuo-u.ac.jp/RIKEN/</a></p> <p>ウェブサイト <a href="http://fams.bio.chuo-u.ac.jp/fams/">http://fams.bio.chuo-u.ac.jp/fams/</a></p>