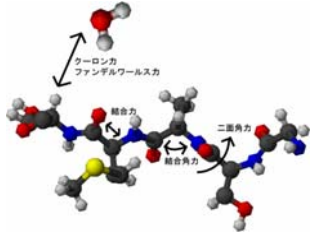


関嶋政和（産業技術総合研究所） 超並列計算機を用いた生体分子解析

— 疾病関連蛋白質解析と世界最小蛋白質設計への応用 —

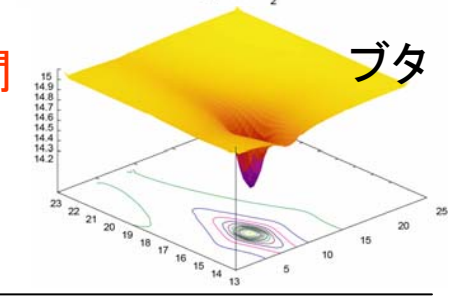
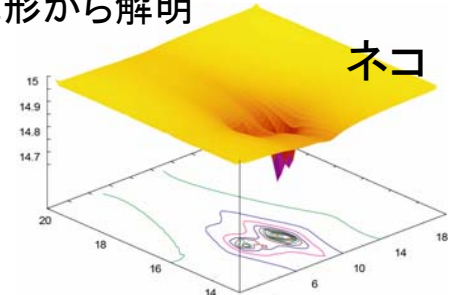
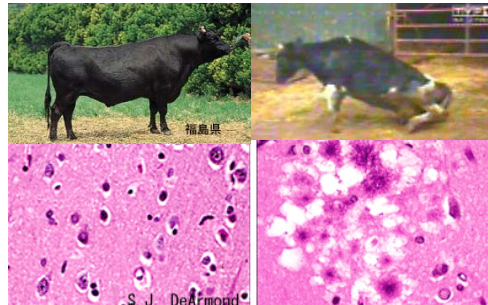


応用(1): プリオンタンパク質

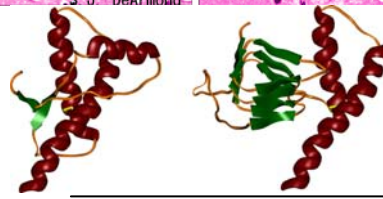
プリオン病の種から種への感染を自由エネルギー地形から解明

正常

異常

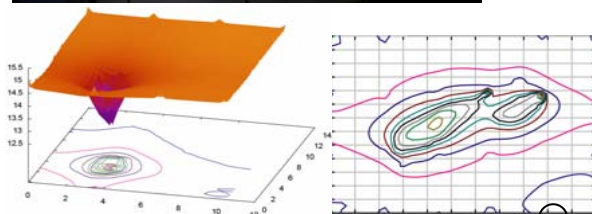


それぞれ
460800CPU 時間
シミュレーション

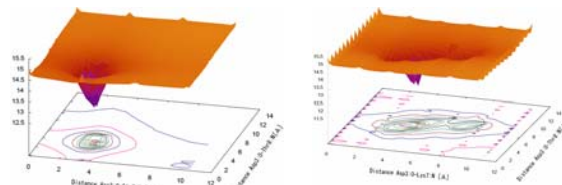


応用(2): シニヨリンタンパク質

自由エネルギー地形から得られるfoldabilityをもとに新規タンパク質を創製

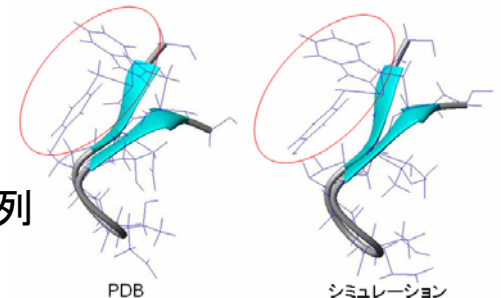


自由エネルギー地形の
定量的比較システムの
開発 科研費 若手(B)等による



フォールドする配列
GYDPETGTWG

フォールドしない配列
GYDDATKTFG



それぞれ230400CPU 時間シミュレーション