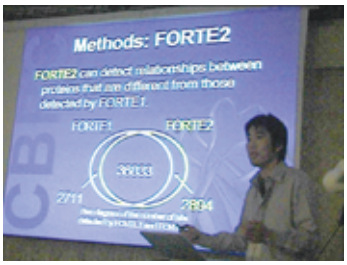
世界第3位の成績！

タンパク質立体構造予測コンテスト CASP 6

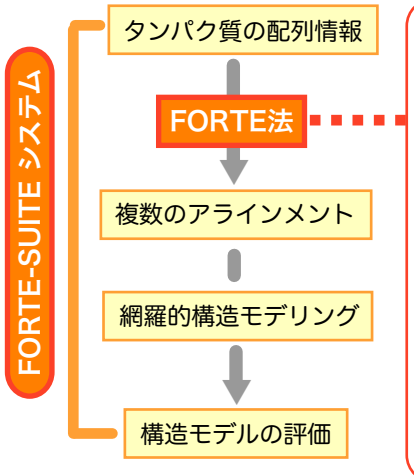
CASP 6 に CBRC から参加したチーム、***CBRC-3D***（富井健太郎、広川貴次、本野千恵）が［フォールド認識部門］で第3位の成績を収め、昨年12月4日～8日にイタリアで開催された結果発表会で招待講演を行いました。参加チームが増え競争が世界的に激化している近年において、今回の上位入賞、招待講演は快挙で、日本の研究機関では実に６年ぶりのことでした。また、CBRCの別チーム ***CBRC-DR***（野口保、廣瀬修一、清水佳奈、富井健太郎）が［ドメイン予測部門］で第４位の成績を収めました。



招待講演の様子（富井）

CBRC-3D チーム

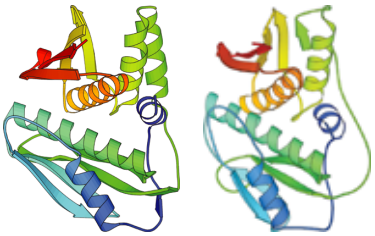
【CBRC-3Dチームの用いた独自開発システム：FORTE-SUITE】



構造予測をしたいタンパク質の類縁配列プロファイルと、構造既知タンパク質の類縁配列プロファイルとを、相関係数を類似性尺度として精密にアラインメントするアルゴリズム。

特長

ゲノム配列データに後押しされた大量の配列情報を非常に有効に活用し、予測可能範囲の拡大とアラインメント精度の改良を目指した。
類似性尺度の設計にも工夫を凝らすと共に構造既知タンパク質やその部分構造に関する配列プロファイルを大量に作成、並列計算技術により頻繁に更新。


CBRC-3Dチームが評価を受けたターゲットの一つ T0223 の予測構造（左）と実際の構造（右）の比較

CBRCのチームが上位入賞を果たしたのはフォールド認識（FR/H）と呼ばれる部門で、既知のタンパク質の立体構造との類似性を、配列相同性解析や構造認識技術などを用いていかに感度良く発見しモデル構築するかが競われます。
CBRCは 独自に開発した構造認識法「FORTE」（参照：図説、下記Ref.）を軸に用いて今回の成果を得ました。今回評価されたタンパク質立体構造予測技術は、今後、ゲノム解析で急増する遺伝子の構造や機能を推定する手がかりとして応用が期待されます。

[Refereneces]
＊1）特願2002-377704「タンパク質立体構造予測システム」富井健太郎（2002年12月26日）
＊2）Tomii, K., Akiyama, Y.: FORTE: a profile-profile comparison tool for protein fold recognition, Bioinformatics 20, 4, 594-595 (2004).
＊3）http://www.cbrc.jp/forte

What's CASP・・・?

2年に一度開催される国際的なタンパク質立体構造予測コンテスト（**C**ritical **A**ssessment of Techniques for Protein **S**tructure **P**rediction）。インターネット上で出題されるアミノ酸配列に対して、立体構造モデルを送付する。課題には X線やNMR解析寸前のタンパク質が選ばれて行われる、完全目隠しのテスト。CASP6では、2004年6月から9月にかけて87問が出題され、世界各国から224チーム、65サーバが参加した。(詳細＞ http://predictioncenter.llnl.gov/casp6/)

新棟完成に伴う移転のお知らせ

これまで蓄積してきたバイオインフォマティクス等のバイオ・IT 融合分野の研究を集結させ、強化した産学官連携体制で研究を推進する目的で、産総研 臨海副都心センター 本館（既存棟）の隣に「別館 バイオ・IT 融合研究棟」が新設されました。
３月末に開所式の予定ですが、CBRCでは 2/14 に青海フロンティアビルの研究・事務機能を新棟に移転いたします。CBRCは、8, 9, 10階（受付）と1階（実験施設）に入る予定です。なお、一部チームは引き続き本館1階を利用して参ります。
移転に伴い、代表住所が下記に変更となりますので、お手数ですが登録内容の改新をお願い申し上げます。

【新代表住所】〒135-0064 東京都江東区青海2-42
（電話・FAX番号の変更はありません。）