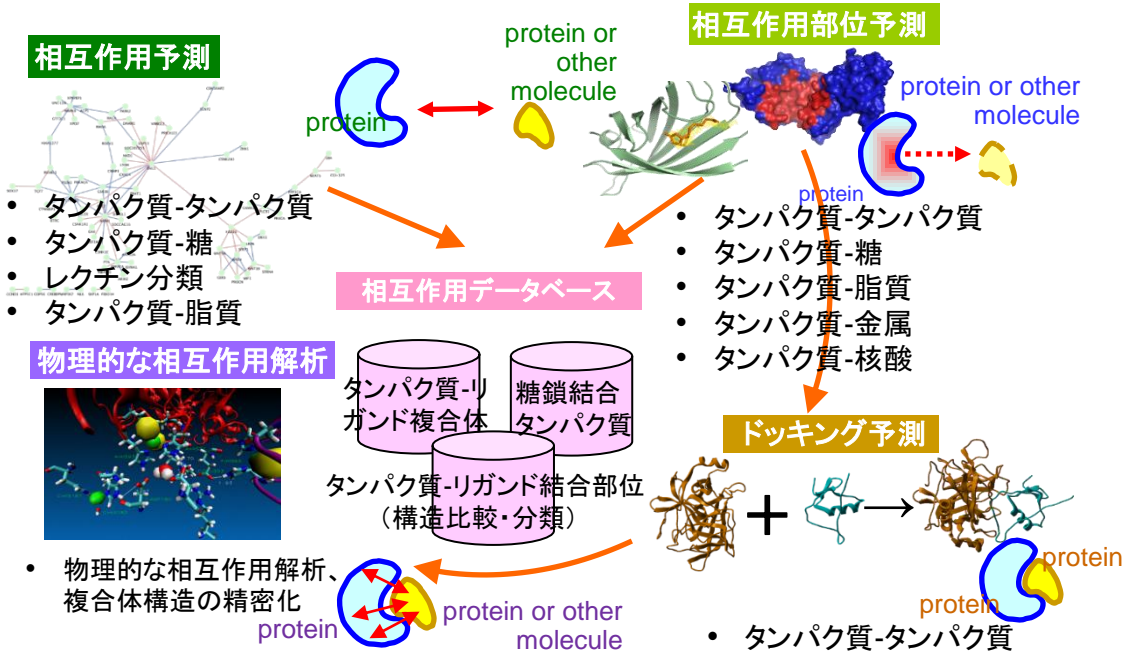


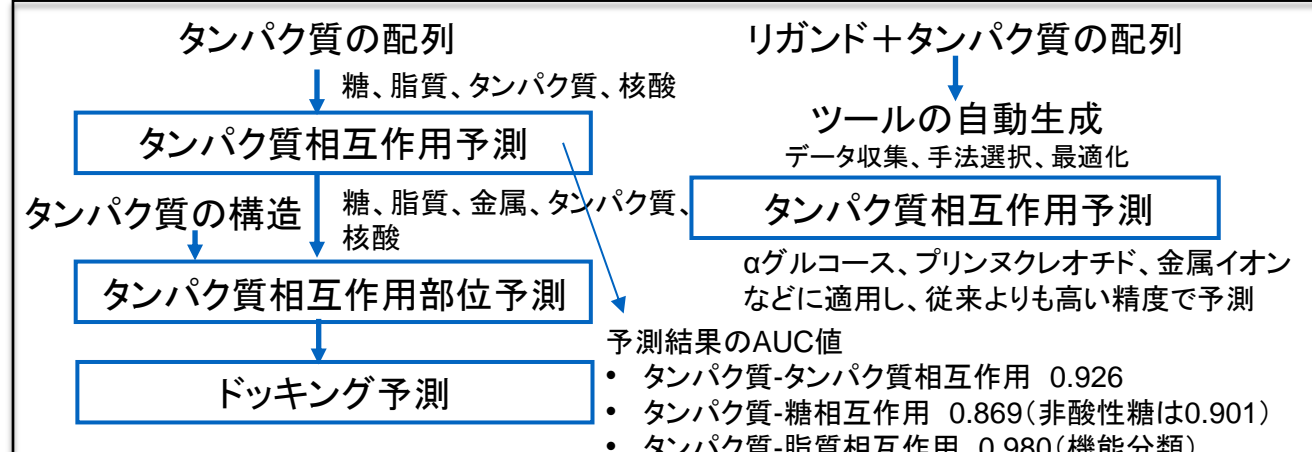
# タンパク質相互作用予測システム

## [技術の概要]

- タンパク質が他の分子と相互作用するかどうか、どの部位と相互作用するかを配列情報のみから予測する。また、さまざまな分子との相互作用を総合的に予測することができる。構造既知の場合は、構造情報を利用して、より高い精度で予測することができる。
- 利用者が指定する任意のリガンド分子に対して、その結合部位を予測する。データの収集、機械学習、パラメータの最適化を自動化し、複数の学習手法が選択できる。



## [技術の利用例]



タンパク質の機能や他の分子との相互作用部位を比較的短時間で予測することができるので、実験による解析のヒントを与え、多数のタンパク質を対象とした予測に利用できる。総合的な予測ツールとしてWeb上に公開する。

## 連絡先

[所属] 東京大学

[名前] 清水謙多郎、寺田 透、角越和也

[E-mail] shimizu@bi.a.u-tokyo.ac.jp