

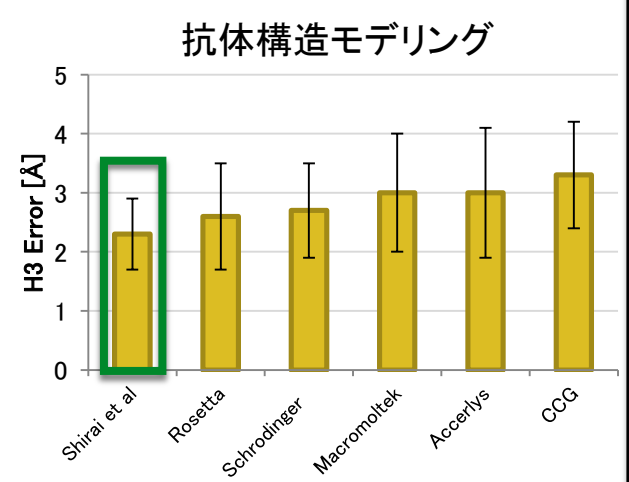
免疫レパトアのone-stop解析

[技術の概要]

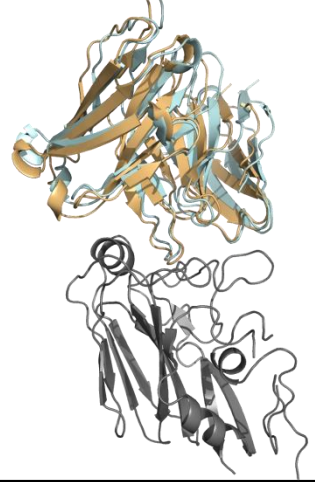
最近盛んに行われるようになった免疫レパトア(B細胞、T細胞)次世代シーケンシングの配列解析から構造解析までをone-stopで行う。

配列解析としてV(D)Jアサイメント、クローン解析等が行える。さらに配列データから抗体Fv構造を作成し、データを構造上にマップしたり、統計解析、機械学習を利用した結合部位予測、ドッキングシミュレーションによる複合体予測が行える。

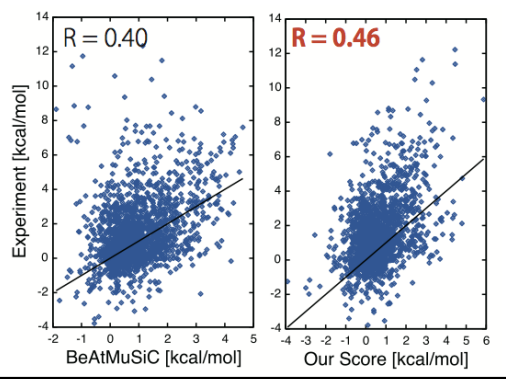
配列解析のためのソフトウェアとして多重配列アライメントソフトウェアMAFFTを開発した。抗体構造モデリングソフトウェアは、ブラインドコンテストAMA-IIにて最も精度の良い予測に成功した。タンパク質デザイン、ドッキング手法も非常に精度の高いアルゴリズムを開発・保有している。さらに、現在抗体構造から抗原を予測するアルゴリズムの開発を進めている。



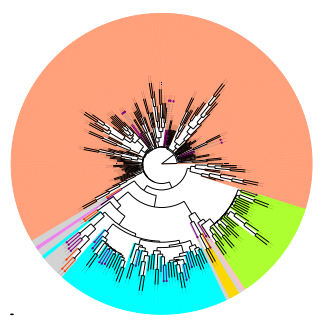
ドッキングシミュレーション



タンパク質デザイン

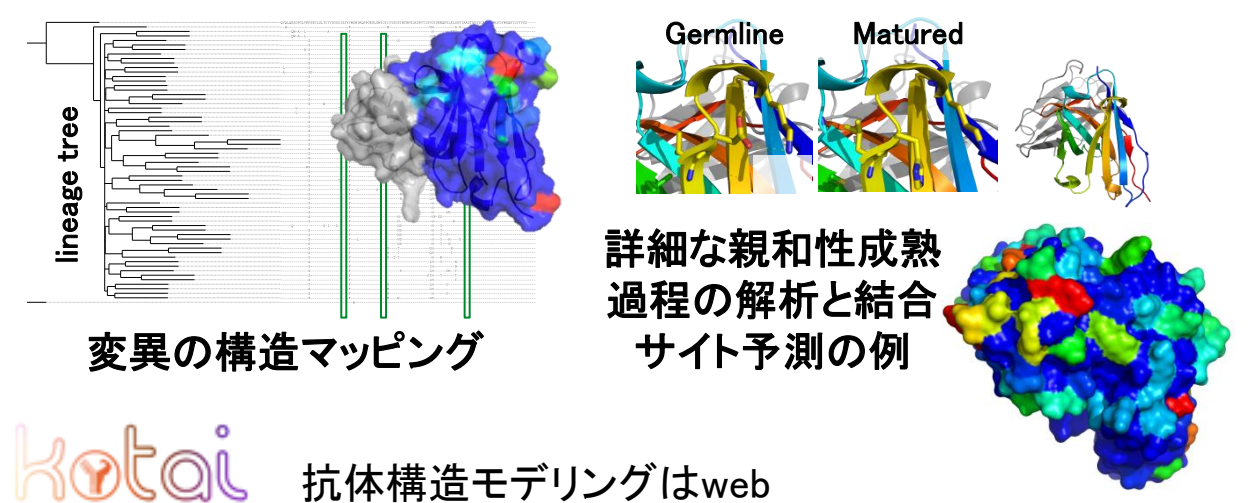


V遺伝子の系統樹解析



[技術の利用例]

本技術は配列解析、抗体モデリング、ドッキング、タンパク質デザイン等各モジュール単位でも利用可能である。本研究室で開発している他のモジュール(RNA/DNA結合予測等)や分子動力学シミュレーションを組み合わせることでさらに多様な解析も可能である。



抗体構造モデリングはwebサーバーからも利用可能

連絡先

[所属] 大阪大学

[名前] Daron M Standley

[E-mail] standley@ifrec.osaka-u.ac.jp