



「微生物エクスプローラーズ」

第10回 ミーティング

1月16日 金 15:30~17:00



岡山大学 津島キャンパス 共創イノベーションラボ (KIBINOVE: きびのべ) 1階

ホスト：田村 隆（環境生命自然科学学域(農) 教授）

15:30

開会ご挨拶

田村 隆（環境生命自然科学学域(農) 教授）

15:35

講演1 (20~25分)、質疑応答 (10~5分)

「深層学習支援型タンパク質工学の実験的検証：耐熱性酵素設計とEGFP結合性ミニタンパク質のde novo創出」



今中 洋行（環境生命自然科学学域(工) 助教）

近年, RFdiffusionやProteinMPNN, AlphaFold3などタンパク質工学に利用可能な深層学習支援ツールの進展により, タンパク質機能の改変・創出研究が加速している。本講演では, これらを用いた2つの取り組みについて紹介する。①超好熱菌由来エステラーゼEstAfをProteinMPNNで再設計し, AlphaFold3予測とRMSD等で候補を選抜し, 構造安定性の向上と反応温度依存性の改変を示す変異体を得た。②RFdiffusion/ProteinMPNNによりEGFP結合性ミニタンパク質をde novo設計し, 足場タンパク質連結体として評価したところ, バイオペーリングなしで高親和性バインダーを取得できた。これらの実証から, 配列保存領域の設定, 予測指標による絞り込み, 評価系設計に関する知見を共有し議論する。

16:05

講演2 (20~25分)、質疑応答 (10~5分)



“Development of Structure-Based AI Methods for the Prediction and Engineering of Novel Enzymatic Reactions”

Christopher VAVRICKA / ヴァヴリッカ クリストファー

(東京農工大学 大学院 工学府 生命工学専攻 / テニュアトラック准教授)

To biosynthesize new-to-nature compounds, improved methods are needed for the prediction of unknown enzymatic reactions. Current functional prediction methods rely on sequence homology and database annotations. Therefore we are developing structure-based and annotation-independent methods to predict the function and activity of novel enzymes. Our recent studies demonstrate that incorporation of 3D structure information and in vivo data can improve the prediction of unknown functions.

16:35

閉会ご挨拶

田村 隆（環境生命自然科学学域(農) 教授）

お問い合わせ・メンバー登録はこちら

岡山大学 研究・イノベーション共創機構

彭子漫 (学術研究コーディネーター) peng-zixuan@okayama-u.ac.jp

畠中耕治 (主任URA) koji.hatanaka@okayama-u.ac.jp



←お申込みはこちら



設立趣意書

本活動の目的は、微生物を研究対象とする学内の研究者の交流を促進し、新たな共同研究や学問分野の創設に繋げることです。

「微生物」をテーマにすることで、幅広い研究者が気軽に参加、交流できるサロンのような場の形成を目指します。

本活動を通じて、微生物研究に共通する機器や手法を共有するだけでなく、異分野交流からあらたな研究が創発する事を期待しています。

さらにこの活動を、学内外の予算獲得による高額共通機器の購入や研究拠点の形成、人財確保にもつなげ、学内の微生物研究の基盤強化を目指します。

発起人

守屋 央朗（環境生命自然科学学域(農) 教授）

垣内 力（医歯薬学域(薬) 教授）

茶谷 悠平（環境生命自然科学学域(理) 准教授(研究教授)）

メンバー登録・お問い合わせはこちら

岡山大学 研究・イノベーション共創機構

彭子灝（学術研究コーディネーター） peng-zixuan@okayama-u.ac.jp

畠中 耕治（主任URA） koji.hatanaka@okayama-u.ac.jp

