

講義日:10月18日(水) ゲノミクスからの構造インフォマティクス

講師:長浜バイオ大学 バイオサイエンス学部 教授 白井 剛

質問事項	回答
タンパク質立体構造と疾患ゲノムの情報がより充実して統合されれば、創薬標的面が枯渇とは逆に大量に予測できるようになりますか？	<p>これまでの研究の結果から以下の2点のことが期待されます。これらが大量になるかどうかは不明ですが、しばらくの間は枯渇問題に対処できると考えます。</p> <p>1)疾患関連超分子を考慮することで、GWASなどで特定された疾患関連遺伝子(これまでの主要なターゲット)以外に、周辺の相互作用するサブユニットがターゲットとして浮上することが考えられます。これらは劇的な効果をもたらすターゲットにはならないかもしれませんが、マイルドに作用するターゲットという新たなカテゴリーを創出できると思います。</p> <p>2) 同様の観点ですが、これまでの主要なターゲットに対しても、異なるサブユニットに対する異なる界面が予測されます。これらの界面は、ターゲットから下流または上流への影響を選択的に制御することを可能にすると期待できます。この意味でも実質ターゲットを増やす効果があると思います。</p>