

## シンポジウム / Symposium

**S**A会場（大ホール）/ Room A (Main Hall)  
6月18日(水) / June 18 (Wed) 9:15 ~ 11:45

Japanese Session

### 構造生物情報学の潮流と創薬

### Trends in Structural Bioinformatics and Drug Discovery

本シンポジウムでは、AI技術と生物情報学の革新、特にAlphaFoldによるタンパク質構造予測の進展に焦点を当てます。タンパク質の三次元構造と機能、相互作用メカニズム、バイオインフォマティクスの進歩を共有し、構造予測の新手法や進化との関係、AIと構造生物学を融合した創薬プロセスや解析技術を探り、AIの限界と未来の可能性について議論します。また、研究者間の技術共有や新たなコラボレーションの促進を目指します。

This symposium focuses on AI-driven innovations in bioinformatics, particularly AlphaFold's advancements in protein structure prediction. Topics include 3D structure-function relationships, interaction mechanisms, new prediction methods, and AI-integrated drug discovery. Discussions will explore AI's limitations, future potential, and foster collaboration among researchers to advance computational biology and biomedical applications.

オーガナイザー：井上 豪（大阪大学）、広川 貴次（筑波大学）、由良 敬（早稲田大学）

Organizers : Tsuyoshi Inoue (UOsaka), Takatsugu Hirokawa (Univ. of Tsukuba), Kei Yura (Waseda Univ.)

[9:15] はじめに

#### Opening Remarks

○井上 豊 (Tsuyoshi Inoue)

大阪大学 (UOsaka)

**S-1**

[9:20] 免疫アルパカ由来大規模VHHデータセットを活用したAI創薬への挑戦

#### Harnessing Large-Scale VHH Datasets from Immunized Alpacas for AI-Powered Therapeutic Development

○永田 崇<sup>1,2,3,4</sup> (Takashi Nagata)、山崎 寛章<sup>4,5</sup> (Hiroyuki Yamazaki)、前田 良太<sup>4,5</sup> (Ryota Maeda)、鶴田 博文<sup>4</sup> (Hiroyumi Tsuruta)、田村 龍太郎<sup>4</sup> (Ryotaro Tamura)、伊村 明浩<sup>4,5</sup> (Akihiro Imura)

<sup>1</sup>京大・エネ研 (Inst. Adv. Energy, Kyoto Univ.)、<sup>2</sup>京大・エネ科 (Grad. Sch. Energy Sci., Kyoto Univ.)、

<sup>3</sup>京大・エネ研・ICaNS (ICaNS, Inst. Adv. Energy, Kyoto Univ.)、<sup>4</sup>COGNANO, Inc.、<sup>5</sup>Biorhodes, Inc.

**S-2**

[9:49] 続・AlphaFoldと分子シミュレーションの力学

#### On the dynamics of AlphaFold and molecular simulations, continued

○櫻庭 俊<sup>1,2</sup> (Shun Sakuraba)

<sup>1</sup>QST・量子生命 (iQLS, QST)、<sup>2</sup>千葉大・融合理工 (Grad. Sch. Sci. Eng., Chiba Univ.)

**S-3**

[10:18] AlphaFoldは創薬の役に立つか？

#### Is AlphaFold Useful for Drug Discovery?

○大上 雅史 (Masahito Ohue)

東科大・情 (Dept CS, Science Tokyo)

**S-4**

[10:47] 予測構造を利用した新規酵素反応機構の解析

#### Analysis of novel enzymatic reaction mechanisms using predicted structures

○森脇 由隆 (Yoshitaka Moriwaki)

東科大・総研・難研 (Med. Res. Lab., Ins. Integr. Res., Science Tokyo)

**S-5**

[11:16] 人とAIの融合によるデータ駆動型創薬

#### Data-driven drug discovery through collaboration between humans and AI

○池田 和由 (Kazuyoshi Ikeda)

理研・R-CCS (RIKEN R-CCS)