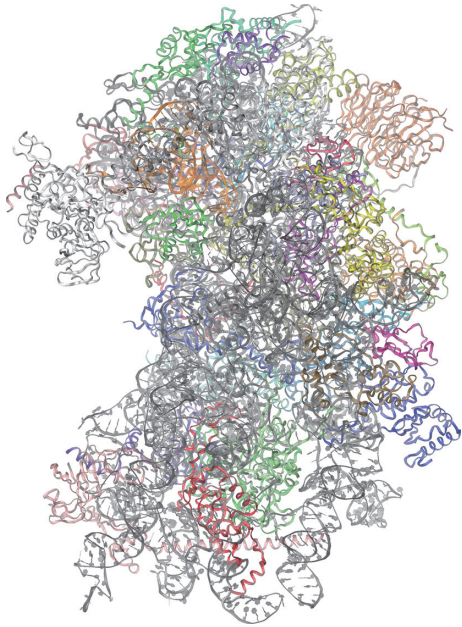


富 樫 祐 一

(生命科学部)

「生物×計算」でみる健康



リボソームの構造 (PDB ID: 3J81) タンパク質合成の「スタート地点」を見つける仕組みを解析しました。

「生きることは、計算だ。」こう言うと、いかにも打算的なひとのように見えるかも知れません。しかし生物は、原始的なものでさえ、周りから情報を得て適応的に振舞うことのできる情報処理システムといえます。私たちは、その情報処理の仕組み—計算機としての生物—を、計算機シミュレーションを通じて解き明かしたいと考えています。

ゲノム情報が解読され、生物の「部品」についての知見がこれだけ積み上がっているにもかかわらず、予防・治療の難しい疾患が多く残っているのは、システムとしての振舞いが理解できていないからといえるかも知れません。モノとしての部品の故障というより、情報処理がおかしくなっている場合もあるのではないかな。そんな観点からも、数理・情報学がwell-beingに貢献できる可能性を探っています。



所 属

生命科学部 生命情報学科

研究テーマ

- 生体高分子の構造動態のシミュレーションと解析
- 細胞・組織での伝熱と「温度」の問題
- 細胞集団・個体群の振舞いと「少数」の効果

キーワード

理論・計算生物学、数理モデル、シミュレーション、生体分子機械、社会物理学

核酸複合体の構造ダイナミクスと機能

DNAやRNAは遺伝情報を書き込んだ「テープ」のようなものと思われがちですが、実はそれ自体が形や動きを変えることで情報処理する「機械」でもあるといえます。これら核酸分子やその複合体の構造変化や力学特性、またそれらと機能との関係を、分子シミュレーション(分子動力学計算)を用いて解析しています。情報処理メカニズムを知るための基礎研究ですが、将来的にはRNA創薬などへの応用も考えられます。

研究対象の例

