

第2回 医学AIセミナー 特別レクチャー

AlphaFoldを用いたバリエーション有害性予測

講師

城田 松之

東北大学大学院医学系研究科
AIフロンティア新医療創生分野



2004年東京大学医学部医学科卒業、臨床研修医。2009年東京大学新領域創成科学研究科メディカルゲノム専攻修了、博士（生命科学）。2010年東北大学大学院情報科学研究科助教。2014年同大学医学系研究科助教。2018年同研究科講師。

ゲノムバリエーションがもたらすタンパク質のアミノ酸変異の中から疾患につながる有害なものを予測することは、疾患原因の解明や個別化医療の促進にとって重要である。蛋白質立体構造はアミノ酸変異の意味を解釈するために重要な情報であるが、構造解析の難しさから利用できる蛋白質はごく一部に限られてきた。一方、昨年AIを用いた予測手法であるGoogleのAlphaFoldによる高精度の予測構造が利用可能となった。本講義ではAlphaFoldの予測構造を用いた網羅的なバリエーションの評価と疾患バリエーションの構造的特徴について解説する。

日時

2022. 7.27 (水) 16:00 ~ 17:00

会場

オンラインセミナー (Zoom にて開催)

申込

◆対象：東北大学医学AIセミナー生、北海道大学医療AI開発者養成プログラム生、岡山大学医療AI応用コース生、医療AI人材育成拠点プログラム関連校（東北大学、北海道大学、岡山大学、山形大学、福島県立医科大学、日本医科大学、北海道情報大学、北海道科学大学、徳島大学、香川大学、山口大学、鳥取大学、川崎医科大学）の学生

◆以下の申込URLまたは、QRコードから参加登録して下さい。

申込URL：https://us02web.zoom.us/webinar/register/WN_TiZLr7xbQs6jOQt8Zelzzw

締切：7月24日（日）



医療AI人材育成拠点プログラム
Clinical AI Human Resources Development
Program

主催：東北大学病院 Clinical AI 運営事務局

