登　壇　者　紹　介



スタンフォード大学医学部 構造生物学教授

マイケル・レヴィット

(Michael Levitt)

2013 年にノーベル化学賞を受賞した構造生物学者。現在はスタンフォード大学医学部構造生物学教授として、がん研究に取り組み、計算生物学の草分けの一人である。1970 年代に「複雑な化学系のマルチスケールモデル」を開発し、その後ノーベル賞を受賞。コンピュータの中で分子の動きを再現する道を切り拓き、巨大な生体分子の解析を可能にした。今日、新薬の開発からタンパク質の構造予測に至るまで、コンピュータによるシミュレーションは科学研究の基盤となっているが、その出発点をつくった立役者でもある。

ノーベル賞受賞から 10 年以上を経た現在も、博士自身がコンピュータの前に座り、自らコードを書き続けている。その技能に誇りを持つという姿勢は、研究の第一線に立ち続けることの意味を私たちに問いかける。2020 年 1 月以降は、新型コロナウイルス感染症と死亡率の研究に科学的関心を向けているほか、人工知能（AI）に関する講演活動を行っている。難しい問題を解くこと、そして若い科学者たちに自分の世代が享受したような自由に取り組める研究環境を与えることを目標としている。

略歴

1947 年　南アフリカに生まれる
　　ロンドンで物理学、ケンブリッジで構造生物学を学ぶ
1967 年　ワイツマン科学研究所で研究に従事
1977 年　DNA の二重らせん構造を発見したフランシス・クリックのもとでも研究
1987 年　スタンフォード大学に着任
2001 年　英国王立協会フェローに選出
2002 年　米国科学アカデミー会員に選出
2013 年　マーティン・カープラス、アリー・ワーシェルとともにノーベル化学賞を受賞
2020 年　新型コロナウイルス感染症と死亡率の研究を開始