

# プロテオインフォマティクス・プロテオゲノミクスの最前線



主催：日本プロテオーム学会

オーガナイザー： 石濱 泰（京大院薬） 馬見塚 拓（京大化研）

【日 時】 平成25年1月18日（金） 12:30～18:00

【場 所】 京都大学 薬学研究科 教育棟1F マルチメディア講義室

（京都市左京区吉田下阿達町46-29, <http://www.pharm.kyoto-u.ac.jp/access/campus.html>）

【参加費】 無料（日本プロテオーム学会員\*）（スペースに限りがありますので、事前登録をお願いします）

→ 事前登録サイト <http://goo.gl/0zl9M>

## PROGRAM

12:30 開会の辞

朝長 毅（日本プロテオーム学会 副会長・医薬基盤研究所）

特別講演

12:40 A Multi-Omic Analysis of a Single Human Cell Type

Akhilesh Pandey (Johns Hopkins University, USA)

13:30 KEGG のゲノム解析と反応解析による代謝ネットワークのモジュール構造

金久 實（京大化研）

14:10 Full Length Transcriptome-Based H-InvDB Throws A New Light on Chromosome-Centric Proteomics

今西 規（東海大医）

<休憩 14:50 - 15:10 >

15:10 プロテオームの多様性創出メカニズムについて

萩原 正敏（京大院医）

15:50 プロテオームデータベースの現状と今後の課題

河野 信（ライフサイエンス統合センター）

16:30 大規模リン酸化プロテオミクスによるシグナル伝達ネットワーク解析

杉山 直幸（京大院薬）

17:10 Mining Metabolic Pathways through Gene Expression

馬見塚 拓（京大化研）

17:50 閉会の辞

石濱 泰（京大院薬）

連絡先： 日本プロテオーム学会事務局（京都大学薬学研究科製剤機能解析学分野内）  
石濱 泰（075-753-4555、[yishihama@pharm.kyoto-u.ac.jp](mailto:yishihama@pharm.kyoto-u.ac.jp)）