

2016. 9. 15

★★★ 日本プロテオーム学会 学会通信第 245 号 ★★★

第 89 回日本生化学会大会 in 仙台シンポジウムに関するご連絡

日本プロテオーム学会 会員の皆様

平素は日本プロテオーム学会 (JPrOS/JHUP0) にご理解、ご協力いただき、誠にありがとうございます。

さて、本日は、9 月 25 日 (日) より始まります第 89 回日本生化学会大会 in 仙台についてご連絡いたします。

JPrOS の学術企画委員の梶先生、植田先生を中心に、シンポジウム「プロテオーム大規模解析が切り開く新たな生化学研究」を提案し、採択されました。開催日時は 3 日目 (9 月 27 日 (火)) の 9:00~11:30 です。

本シンポジウムに関する詳細を以下に記載いたします。

日本生化学会大会に参加される皆様、是非ご参加ください。
また、皆様の周りの日本生化学会大会参加者にご周知いただきますようお願いいたします。

日本プロテオーム学会事務局

記

セッション名 : 第 89 回日本生化学会大会 in 仙台 シンポジウム [3S09]

<http://www.aeplan.co.jp/jbs2016/program.html>

日時 : 9 月 27 日 (火曜) 9:00-11:30

場所 : 仙台国際センター 2 階 会議室 3 (第 9 会場)

セッション番号 : 3S09

テーマ名 : プロテオーム大規模解析が切り開く新たな生化学研究

オーガナイザー : 梶 裕之 (産業技術総合研究所) / 植田 幸嗣 (がん研究会)

概要 :

生命現象の機構解明を目指した研究を進めるに当たって多くの場合、細胞や生物個体に摂動、例えば、化学物質やタンパク質因子、あるいは物理的な刺激を与えたり、特定の遺伝子を変異、ノックアウト、ノックダウン、あるいはノックインしたりして、その変化を追跡する。どの様な変化が生じたかは、仮説に基づいて注目した特定のタンパク質分子をウェスタン分析するなどして、量的あるいは質的变化を検出する。この変化は確かに生じたであろうが、その変化が注目する生命現象の主要因であるのか、原因か結果か、その判別は難しい。こういった観点から、非仮説主導的に、また網羅的に変化を捉えることによって、包括的にその変化を理解することを目指したオミクス研究が興隆することとなった。タンパク質の大規模解析を旨とするプロテオミクスはその提唱から20年を迎えた。この間の技術的進展はめざましく、またいつの間にかその考え方は常識となりつつある。本シンポジウムでは、生化学研究を切り開いていく上でのプロテオミクスの最新技術と応用について紹介していただく。

講演者（発表順）タイトル

[3S09-1] 【9:02】 ○澤崎達也, 高橋宏隆 (愛媛大・PROS)

「コムギ無細胞系を基盤とした2つの大規模生化学的解析法：ヒト2万種プロテインアレイによるインタラクトーム解析とケミカルバイオロジーに向けた薬剤開発」

[3S09-2] 【9:22】 ○中山敬一 (九大・生医研・分子医科学)

「全タンパク質絶対定量技術(iMPAQT)がもたらすインパクト」

[3S09-3] 【9:42】 ○大槻純男 (熊本大院・生命科学, AMED-CREST)

「ペプチド情報データベースとSWATH-MSを用いたproteome-wide quantificationへの挑戦」

[3S09-4] 【10:02】 ○岡田眞里子 (理化学研究所 統合生命医科学研究センター)

「数理モデルを用いたプロテオーム・オミクスデータの統合とNF- κ Bの分子機能」

[3S09-5] 【10:22】 ○石濱泰 (京大院薬)

「キナーゼ収斂型リン酸化プロテオミクスによるシグナルネットワーク解析」

[3S09-6] 【10:42】 ○梶裕之, 富岡あづさ, 野呂絵里花, 藤田弥佳, 助川昌子, 岡谷千晶, 鹿内俊秀, 成松久 (産総研・創薬基盤・糖鎖技術G)

「糖タンパク質の糖鎖不均一性の大規模解析」

[3S09-7] 【11:02】 ○新聞秀一 (阪大院・工学研究科・生命先端)

「質量顕微鏡による生体分子のマルチモーダルイメージング」

[まとめ] 【11:22】 植田 幸嗣 (がん研究会)

以上