



東北大学グローバルCOE

Network Medicine

創生拠点

大学院セミナー

木下 賢吾 先生

(東北大学大学院情報科学研究科・教授)

バイオインフォマティクスによる遺伝子の 機能推定法入門(実用編)

2010年2月16日(火) 17時-18時
医学部5号館2階 201号室

遺伝子及び遺伝子産物としてのタンパク質の機能を明らかにする事は、生物を分子レベルで理解する第一歩である。本講演では、我々が開発を行ってきた遺伝子機能推定法を、立体構造を利用した分子機能予測から相互作用ネットワークを利用した細胞機能まで幅広く紹介する。手法の紹介にあたっては、技術的な側面は軽く触れる程度にとどめ、実際にWebで利用できる手法に限って実用的な解説を行う。また、ポスト生命情報ビクバン時代のバイオインフォマティクスの可能性についても簡単に触れたい。

参考文献

1. K Kinoshita and T Obayashi, Multi-dimensional correlations for gene coexpression and application to the large-scale data of Arabidopsis, *Bioinformatics*, **25**, 2677-2684, 2009
2. T Obayashi, S Hayashi, M Saeki, H Ohta and K Kinoshita, ATTED-II provides coexpressed gene networks for Arabidopsis, *Nucleic Acids Res*, **37**, D987-991, 2009
3. T Obayashi, S Hayashi, M Shibaoka, M Saeki, H Ohta and K Kinoshita, COXPRESdb: a database of coexpressed gene networks in mammals, *Nucleic Acids Res*, **36**, D77-82, 2008

本セミナーは医学履修課程特別セミナー等を兼ねています。受講学生は履修簿を持参し、セミナー修了後にサインを受けること。聴講は自由大歓迎です。学部生の皆さんもぜひどうぞ。

拠点リーダー 岡 芳知 / 世話人 中山 啓子

(発生分化解析分野・内線8227)