

分析機器部門講習会シリーズ

テクニカルセミナー

「新規トランスクリプトーム解析法“NT-CAGE 法”とその応用」

要旨

CAGE 法は、RNA の 5' 末端のキャップ構造をもとに、RNA の転写開始点をゲノムワイドに一塩基レベルで同定・定量する技術である。近年 CAGE 法を用いて、ヒトの細胞や組織からなる約 1000 種類のサンプルから転写制御の解析が行われ、約 20 万のプロモーターおよび約 5 万のエンハンサーといった遺伝子発現調節領域が同定された。一つの遺伝子でも多数の転写開始点を持ち、遠位のエンハンサー領域からも精巧に発現制御を受けていることが明らかになりつつある。

今回、最新の網羅的解析技術とそれによって得られた知見を紹介し、ゲノムから RNA への複雑で精巧な読み出し方について考察したい。

*本講習会では、分析機器部門に未導入の機器・技術について紹介します。

日 時 : 平成 29 年 8 月 3 日 (木) 13:30-15:00 (90 分)

講 師 : 村川 泰裕
理化学研究所 イノベーション推進センター ユニットリーダー

受講対象 : 学内外を問わずご参加いただけます。
(マイクロアレイや RNA-seq に興味がある、疾病組織と正常組織との転写領域での違いを知りたい、プロモーターやエンハンサー、non-coding RNA を転写制御レベルで調べたい、などお考えの皆さま、ぜひご参加ください!)

講習内容 : 網羅的な転写解析について、原理から最新研究内容までの紹介

場 所 : 医系研究棟 3 号館 4 階実習室

定 員 : 20 名程度

申込期間 : 平成 29 年 7 月 21 日 (金) まで

申込方法 : 電子メールで、subject を「NT-CAGE」として、「講習会名」、「所属講座」、「氏名」、「内線番号」、「電子メールアドレス」を明記の上、
yitoh@med.nagoya-u.ac.jp 宛にお申し込みください。

お問い合わせ先

医学教育研究支援センター 分析機器部門

担当: 伊藤 (内線: 2403、Email: yitoh@med.nagoya-u.ac.jp)

※Web でも講習会情報を掲載しています (<http://www.med.nagoya-u.ac.jp/kiki/workshop/index.html>)