



創薬等先端技術支援基盤プラットフォーム

Basis for Supporting Innovative Drug Discovery and Life Science Research

BINDS発現機能解析インシリコ融合ユニット講習会

2022 年 **10/1** (土)
13:00-17:30

主催：BINDS (創薬等先端技術支援基盤プラットフォーム)
発現機能インシリコ融合ユニット

開催方法：ハイブリッド (オンサイト + オンライン)
参加費： 無料
定員： オンサイト 40 名 / オンライン無制限

オンサイト会場：早稲田大学西早稲田キャンパス 63 号館 3 階 A ルーム
オンライン会場：Zoom



参加には事前登録が必要です。左の QR コードまたは以下の URL から登録してください。
後日参加に必要な情報をお送りします。

<https://www.binds-registration.info/regi/108>

BINDS の発現・機能解析インシリコ融合ユニットがもつゲノム解析技術とインシリコ情報解析技術を紹介／利用する講習会です。はじめにゲノム解析技術をビデオ映像により紹介し、解析の現場を体験しながら、どのような解析ができるかを実感していただきます。その後、生命情報解析の技術を利用した RNA の構造、タンパク質の構造と動きの解析、さらには文献の解析技術を紹介し実際に体験していただきます。詳細は BINDS ウェブもご参照ください。 <https://www.binds.jp/>

プログラム

13:00-14:00 松永 浩子、細川 正人、竹山 春子、
秦 康祐、中谷 航太、和泉 自泰、
馬場 健史

(早稲田大学理工学術院／九州大学生体防御医学研究所)

■シングルセル最先端解析技術の紹介

14:10-15:10 福永 津嵩、曾 超、浜田 道昭

(早稲田大学高等研究所／早稲田大学理工学術院)

■機能エレメントに基づく RNA の機能解析実習

15:20-16:20 由良 敬、大森 聡

(早稲田大学理工学術院)

■アミノ酸配列からの立体構造とその動きの予測

16:30-17:30 村松 知成

(東京大学大学院農学生命科学研究科)

■PubMed を用いた文献情報取得

お問合せ

生命科学・創薬研究支援基盤事業 (BINDS)

BINDS 司令塔・調整機能活動サポート班 (担当) 斎藤 佐藤 加藤

〒113-8657 東京都文京区弥生 1-1-1

東京大学大学院農学生命科学研究科内

Tel:03-5841-5167 Fax:03-5841-8031

受付時間 平日 9 時 30 分～17 時

Email: assist@binds.jp



BINDS発現機能解析インシリコ融合ユニット講習会

2022 年 10 月 1 日 (土) 13:00-17:30

講演内容の詳細

13:00-14:00 松永 浩子、細川 正人、竹山 春子 (早稲田大学理工学術院)、秦 康祐、中谷 航太、和泉 自泰、馬場 健史 (九州大学生体防御医学研究所)

■シングルセル最先端解析技術の紹介

遺伝子は、組織内空間的位置によりその発現の頻度が異なるとされる。これは、組織の機能理解には、位置情報と紐付けされた遺伝子解析が重要となることを意味する。本講習会では、組織微小領域 (100 μm 径) を採取する研究室オリジナルの装置を用いて、臨床検体や凍結検体から組織を採取し空間的遺伝子発現解析を実施するまでの技術を動画を交えて紹介する。(早稲田大学)

プロテオームおよびメタボロームは、代謝などの生命システムを理解するための重要分子であると同時に、ゲノム情報の実行の結果、すなわち高解像度のフェノタイプとしても捉えることができる。本講習会では、我々がこれまで開発してきたナノ液体クロマトグラフィータンデム質量分析 (nano-LC/MS/MS) を基盤とした 1 細胞プロテオームおよびメタボローム解析技術について紹介する。(九州大学)

14:10-15:10 福永 津嵩 (早稲田大学高等研究所)、曾 超、浜田 道昭 (早稲田大学理工学術院)

■機能エレメントに基づく RNA の機能解析実習

本実習では発現変動解析等により興味のある RNA (転写産物) の候補が絞り込めた後に、その転写産物の機能解析に寄与する様々な情報を取得するための実習を行う。具体的には、RNA の機能エレメントである「配列」、「構造」、「修飾」および作動エレメントである「他の生体分子との相互作用」に関していくつかのウェブベースのツールやデータベースを用いて調査する方法を学ぶ。

15:20-16:20 由良 敬、大森 聡 (早稲田大学理工学術院)

■アミノ酸配列からの立体構造とその動きの予測

測定データからアミノ酸配列が推定できた後には、そのタンパク質がどのような機能をもっているかを推定したい。そのひとつの手段として、立体構造とその動きを予測する方法がある。タンパク質の配列情報からは、ホモロジーモデリングによって立体構造を予測し、さらに弾性ネットワークモデルを用いてその動きを予測することができる。本講習では、ウェブツールを利用して立体構造と動きを予測する実習を行う。

16:30-17:30 村松 知成 (東京大学大学院農学生命科学研究科)

■PubMed を用いた文献情報取得

PubMed は、ほとんどの生物学、医学関係の研究者が頻繁に利用している文献検索システムだが、最も簡単な検索法での使用がほとんどではないだろうか。このシステムのデータ構造について学び、少し高度な検索法に挑戦する。また、われわれが行った PubMed のアブストラクトデータを利用した研究についても解説する (<https://www.amed.go.jp/news/seika/kenkyu/20210910.html>)。