

Online Event
人気企画

特別企画1

座談会

視聴者からの質問にお答えします!

第4回

BINDS 公開講座

オンライン開催

特別企画2

胡桃坂先生ライブ

新曲が発表されるかも……???

2024 10.11 Fri.
16:00~19:20



東京大学 教授 胡桃坂 仁志

「クロマチンが生命を紡ぎ出す仕組みを理解する」

クロマチンの
秘密
教えます



九州大学 教授 大川 恭行

「組織形成を理解するための
単一細胞マルチオミクスの開発」

下記URLまたはQRコードからお申し込みください

参加登録者限定!
後日録画配信を予定しています!

<https://www.binds-registration.info/regi/184>

参加費 無料

参加登録 要

申込締切 10月10日

世話人

東京大学
教授 西山 真



注意事項

- ※開催日の前日までに視聴方法や注意事項等をご連絡いたします。
- ※視聴方法の転送不可(参加ご希望の方は個別にお申し込みください)。
- ※取得した個人情報は、参加者への事務連絡、統計分析等、本事業以外には使用いたしません。



第4回 公開講座

お問い合わせ

創薬等先端技術支援基盤プラットフォーム (BINDS)
生命科学・創薬研究支援基盤事業サポート班

assist@binds.jp

TEL: 03-5841-5167 / FAX: 03-5841-8031

binds.jp



こちらもチェック!

第5回公開講座

2024年10月25日

熊本大学 大槻純男先生/大阪大学 鈴木孝慎先生

概要

日本医療研究開発機構 (AMED) が実施する「生命科学・創薬研究支援基盤事業 (BINDS)」では、ライフサイエンス・創薬研究を、より一層強力に推進することを目的として、オンライン公開講座を開設しております。これはAMED-BINDSに参画する世界の第一線で活躍する研究者が自身の研究を詳しく紹介するもので、開設以来、多くの研究者等の参加をいただき、好評を博しております。第4回公開講座では、東京大学定量生命科学研究所の胡桃坂仁志教授と九州大学生体防御医学研究所の大川恭行教授を講師としてお迎えして公開講座を開催します。核酸は創薬、生命機能解明の重要なターゲットです。今回はクロマチンにフォーカスした公開講座を企画致しました。胡桃坂教授には、生化学、構造生物学的なアプローチを用いたクロマチンによるゲノム情報制御に関して、大川教授にはエピゲノム状態を解析するマルチオミクス技術の開発について、最先端のご研究をご紹介します。本公開講座が、皆様の研究の今後のさらなる発展の一助となることを期待しております。多くの皆様のご参加をお待ちしております。

プログラム

加藤 良平 国立研究開発法人 日本医療研究開発機構 創薬事業部 主幹

開会挨拶

胡桃坂 仁志 東京大学 定量生命科学研究所 教授 構造解析ユニット

クロマチンが生命を紡ぎ出す仕組みを理解する

ヒトのゲノムDNAは2メートルにもおよぶ長さです。それが直径わずか数~10 μ m程度の細胞核に収納されており、それはクロマチンと呼ばれる構造体によって成し遂げられています。そのため真核生物の転写、組換え、修復、複製などのゲノムの機能発現は、クロマチン構造と折り合いをつけて行われています。クロマチンの基本単位はヌクレオソームであり、4種類のヒストンH2A、H2B、H3、H4が形成するコア (ヒストン8量体) に150-200塩基対ほどのDNAが巻きついていきます。多細胞生物では、同一のゲノム配列を持つ細胞が分化することによって、多種多様な組織や臓器を形成します。これは、DNA配列に依存しない遺伝情報の制御機構である“エピジェネティクス”によって成されており、その実体がクロマチン構造の多様性とダイナミクスであることが明らかになってきました。今回、生化学的アプローチとクライオ電子顕微鏡解析の融合による、“ビジュアル・バイオケミストリー”によるクロマチン研究を紹介しつつ、クロマチンがゲノム情報を制御して、エピジェネティックに生命機能を制御するメカニズムについて議論したいと思います。

大川 恭行 九州大学 生体防御医学研究所 所長・教授 発現・機能解析ユニット

組織形成を理解するための単一細胞マルチオミクスの開発

人体を構成する細胞は200種類以上存在し、それぞれ異なる遺伝子発現様式によって固有の細胞機能を発揮し組織形成します。このような、多彩な細胞それぞれが固有の細胞機能を獲得するために、同一のゲノムから必要な遺伝情報を得る機序が存在すると考えられますが、その全容は未だ不明です。個々の細胞がゲノムから機能を獲得するエピゲノム制御を理解するには、幹細胞等の生体内で不均一な状態で存在する細胞を分類し、幹細胞から特定の細胞へ変化する過程におけるエピゲノム変化を測定する技術が必要です。そこで、私たちは、細胞のプロファイリングとともにエピゲノム状態を解析するマルチオミクス技術の開発に取り組んできました。単一細胞エピゲノムプロファイリング法であるChromatin Integration Labeling (ChIL)を発展させることで、ハイスループットな高深度なエピゲノム解析技術を開発しました。クロマチン構造解析技術の現状と今後の可能性について議論したいと思います。

西山 真 東京大学大学院農学生命科学研究科 教授 BINDS 司令塔・調整機能活動サポート班

閉会挨拶

※プログラムは都合により変更になる場合がありますので予めご了承ください。