

独自トランスクリプトーム技術 の設計とその医学応用

Designing original transcriptome technologies to dissect human diseases

村川 泰裕 先生
Prof. Yasuhiro MURAKAWA

京都大学 高等研究院 ヒト生物学高等研究拠点・教授
理化学研究所 生命医科学研究センター・チームリーダー

2024年**10月25日** 金 午後4時～

生体調節研究所1階会議室

Friday, October 25th, 2024 16:00 ~

IMCR Gunma Univ.1F Conference Room

ヒトの基本設計図とも言われるヒトゲノム配列のドラフトが発表されてから約20年になります。しかし、ヒトゲノムには機能未知領域が大量に残っています。ヒトゲノムの解読、そしてその作動原理の解明には、絶えず新しい手法論の開発が求められてきました。ヒトゲノムの機能の理解には、ゲノムから転写されるRNA分子を網羅的に解析することが有用であると考えられます。我々はこれまで、活性化したエンハンサーから合成されるエンハンサー-RNAを高精度に解析するNET-CAGE法や5' single-cell RNA-seq法を開発し、ヒト細胞でのエンハンサー地図を構築し、ヒト疾患感受性のメカニズムの解析を行ってきました。また最近では、RNAの5'末端から3'末端までの完全長を解析する手法論を開発しており、新規の遺伝子やノンコーディングRNAを探索しています。トランスクリプトーム解析技術を設計することで見えてきたヒトゲノムの機能的配列とその医学応用への最近の取り組みを紹介させていただきます。

事前予約不要。直接会場にお越しください。

No reservation is required. Please come directly to the venue.

Host: 稲垣 毅 Takeshi Inagaki (inagaki@gunma-u.ac.jp, 8880)