



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

早稲田大学 BINDS ユニット連携講習会

2021年10月8日(金)

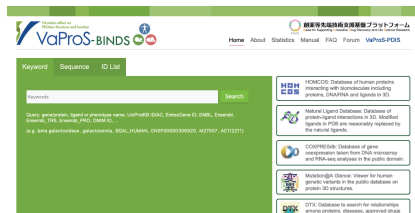
13:30~17:00

主催：BINDS（創薬等先端技術支援基盤プラットフォーム）
プラットフォーム機能最適化ユニット・
バイオリジカルシーズ探索ユニット

場所：オンライン（Zoom）

参加費：無料

定員：なし



参加には事前登録が必要です。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/86>



講習会内容

BINDS のバイオリジカルシーズ探索ユニットがもつゲノム解析技術と、プラットフォーム機能最適化ユニットがもつ生命情報解析技術を紹介する講習会です。ゲノム解析技術の紹介では、ビデオ映像などを利用しながら解析の現場を体験し、どのような解析ができるかを実感してもらいます。その後、生命情報解析アプリケーション VaProS-BINDS などを用いて、データ解析を参加者が実施する講習をおこないます。詳細は BINDS ウェブもご参照ください。

<https://www.binds.jp/>



プログラム

- 13:30~14:30 竹山春子、松永浩子、秦 康祐、中谷航太、和泉自泰、馬場健史（早稲田大学先進理工学部／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
- 14:40~15:40 由良 敬（早稲田大学先進理工学部）：VaProS-BINDS を用いた遺伝子／タンパク質データ解析の実習
- 15:50~16:50 大森 聡（東北大学）：タンパク質の分子動力学シミュレーションの実習

*講習会の参加にはご自分の PC（Windows または Macintosh）をご準備ください。

【お問い合わせ】

〒162-0041 東京都新宿区早稲田鶴巻町 513
早稲田大学 121 号館リサーチイノベーションセンター 由良研究室
TEL: 03-5286-3441
E-mail: yuralab-assist@list.waseda.jp



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

早稲田大学 BINDS ユニット連携講習会

2021年10月8日(金)

13:30~17:00

講習内容の詳細

■13:30~14:30: シングルセル最先端解析技術の紹介

竹山春子、松永浩子、秦 康祐、中谷航太、和泉自泰、馬場健史 (早稲田大学先進理工学部 / 九州大学生体防御医学研究所)

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 μ m 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)。

シングルセル解析から遺伝情報解析へ

■14:40~15:40: VaProS-BINDS を用いた遺伝子/タンパク質データ解析の実習

由良 敬 (早稲田大学先進理工学部)

1細胞プロテオーム解析で得られるデータを理解するためには、それらのデータを各種のデータベース存在する情報とつなぎ合わせる必要がある。VaProS-BINDS は複数のデータベースから知識を発見することをめざした、BINDS で開発されたアプリケーションである。様々なデータベースを同時検索し、その結果をユーザにまとめて見せることで、ユーザは複雑な操作から解放され、考えることに集中できる。本講習会では、1細胞プロテオーム解析結果から、VaProS-BINDS による情報解析を実習する。

止まっている情報から動く情報へ

■15:50~16:50: タンパク質の分子動力学シミュレーションの実習

大森 聡 (東北大学情報科学研究科)

分子動力学(MD)シミュレーションは運動方程式を数値的に解くことでタンパク質などの分子の運動を解析できる方法である。本講習ではMDシミュレーション未経験者を対象とし、CHARMM-GUI membrane builder を使い、従来は専門的な技術が求められた膜タンパク質 MD をブラウザ上の操作で簡単にセットアップする方法を紹介する。(本講習に併せてセットアップを行いたい方は事前に CHARMM-GUI アカウントの作成をお願いいたします。 <https://charmm-gui.org/?doc=register>)

【お問い合わせ】

〒162-0041 東京都新宿区早稲田鶴巻町 513

早稲田大学 121 号館リサーチイノベーションセンター 由良研究室

TEL: 03-5286-3441

E-mail: yuralab-assist@list.waseda.jp