

第184回 原医研セミナーのご案内

下記のとおりセミナーを開催いたします。多数ご参集ください。

記

日 時：平成28年7月21日（木）午後4時～

場 所：霞総合研究棟 7階 701セミナー室

1. 演 題：新規低酸素誘導性転写因子 GLIS1 制御機構およびがん細胞における意義

演 者：放射線医療開発研究分野 谷本 圭司 助教

Krüppel-like zinc finger transcription factors に属する、転写因子 GLI-similar 1 (GLIS1) は iPS 細胞誘導において、がん遺伝子でもある転写因子 MYC に代わり、OCT3/4 (POU5F1), SOX2, KLF4 と協調的に細胞の初期化（幹細胞化）を強く促進するが、腫瘍原性はないと報告されています。しかしながら、GLIS1 の制御および機能の分子機構は不明であります。GLIS1 遺伝子発現制御に関して、古典的な HRE 依存的な転写調節機構ではなく、HIF-2 α と AP-1 の協調的機構により、低酸素依存的に誘導される事を見いだしました。また、GLIS1 遺伝子発現におけるエピジェネティック制御の関与、GLIS1 発現のがん細胞における意義などを検討中であり、その経過を紹介します。

2. 演 題：次世代シーケンサーと single cell sorting を用いた T 細胞受容体(TCR)の網羅的解析

演 者：血液・腫瘍内科研究分野 川瀬 孝和 助教

T 細胞受容体(TCR)は、遺伝子再構成により膨大な多様性を獲得するが、近年、それらを網羅的に同定可能な技術として、next generation sequencing (NGS) を用いた CDR3 領域遺伝子配列のハイスループット解析の有用性が報告されはじめている。しかし、NGS を用いた TCR レパトワ解析では TCR α 鎖, β 鎖のペアを同定できないため、その結果を TCR の機能的な検討に利用することは困難である。

われわれは NGS とシングルセルソーティング技術を用いて、ヒト末梢血中に存在する同種反応特異的 TCR、抗原特異的 TCR 等の α 鎖と β 鎖のペアを網羅的に同定し、機能的解析をおこなう系を確立した。また、個人間で共通の遺伝子配列をもつ TCR(public TCR)の頻度についても解析を行っているので、これまでに明らかとなった知見を紹介したい。

連絡先： 広島大学霞地区運営支援部総務グループ 082-257-1611 (内線 霞 6532)