

第19回 LEGEND セミナー 2024 (長崎)

セミナーテーマ

「免疫学における網羅的遺伝子、 タンパク質発現解析法を考える」

レビュー講演 「免疫学における網羅的解析法最前線」

理化学研究所 生命医科学研究センター 免疫転写制御研究チーム チームリーダー
谷内 一郎 先生

講演一 「単細胞解析によって明らかになった自己免疫疾患の病態」

慶應義塾大学 医学部 微生物学・免疫学教室 教授
理化学研究所 生命医科学研究センター ヒト免疫遺伝研究チーム チームリーダー
石垣 和慶 先生

講演二 「1細胞マルチモーダル計測によるヒトヘルパーT細胞の多様性」

京都大学 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
理研-IFOMがんゲノミクス連携研究チーム チームリーダー
村川 泰裕 先生

▶各講演要旨は裏面をご覧ください

座長: 順天堂大学 大学院医学研究科 アトピー疾患研究センター 教授
垣生 園子 先生

日時: 2024年12月2日(月)

LEGENDセミナー

午後6時～

LEGENDナイト(懇親会・ビュッフェ形式)

午後8時30分～

会場: ヒルトン長崎 3階「キャプタインスカマー」

長崎県長崎市尾上町4-2



参加登録: 下記のサイトまたはQRコードからご登録ください。たくさんの皆様のご参加をお待ちしております!

<https://app.smartsheet.com/b/form/dd3e61f679be4f44809a0bc5fb33ce0d>



参加料: 無料。ライフサイエンス研究に携わっている方であれば、どなた様にもご参加頂けます。

主催 BioLegend Japan株式会社

BioLegend®

トミーデジタルバイオロジー株式会社

Digital Biology®

レビュー講演

「免疫学における網羅的解析法最前線」

理化学研究所 生命医科学研究センター 免疫転写制御研究チーム チームリーダー

谷内 一郎 先生

現在の医学、生物学研究分野では、より少量の生体飼料からより良い解像度でより多くのものを計測すべく、既存技術の改良、新規技術の開発が競争的に行われ、新規の測定法、解析法の発展は目覚ましいものがある。免疫応答には多様な種類の細胞が関与し、細胞間での情報交換が重要となることから、一つ一つの細胞の性質を、空間情報を伴って計測することが重要となる。1細胞での遺伝子発現計測技術であるscRNA-seqが容易に実施される様になり、均一な細胞集団と従来考えられていたものが様々な異なる細胞から不均一集団であることが明らかになった例は枚挙に遑がない。1細胞レベルで遺伝子発現、タンパク質発現を同時に解析出来るCITE-seqは、ヒト免疫研究では今後重要となる計測法と思われる。

本セミナーでは、網羅的遺伝子、タンパク質発現解析法を实践、開発されている新進気鋭の研究者から最近の成果をご紹介頂く。

講演一

「単細胞解析によって明らかになった自己免疫疾患の病態」

慶應義塾大学 医学部 微生物学・免疫学教室 教授

理化学研究所 生命医科学研究センター ヒト免疫遺伝研究チーム チームリーダー

石垣 和慶 先生

フローサイトメトリーは、細胞表面マーカーの発現プロファイルに基づいて、目的の免疫細胞集団を特定するために広く使用されている基本的かつ重要な手法です。歴史的に、免疫学の実験のさまざまな場面でフローサイトメトリーが活用され、細胞表面マーカーの発現情報に基づいて免疫細胞が定義され、その機能が解明されてきました。一方、近年の技術革新により、細胞表面マーカーという事前情報に依存せずに免疫細胞集団を定義できる単細胞トランスクリプトーム解析が飛躍的に発展し、新しい免疫細胞集団の存在が次々と報告されています。このように、細胞表面マーカーの発現情報と単細胞トランスクリプトーム情報は、異なる視点から免疫細胞の表現型評価に有用な情報を提供することが明らかとなりました。Cellular Indexing of Transcriptomes and Epitopes by Sequencing (CITE-seq) は、同一の単細胞から両情報を同時に回収し、統合的に免疫細胞集団を定義できる実験手法です。CITE-seqによって、免疫細胞の詳細な表現型解析が加速しています。私たちはCITE-seqを用いて、自己免疫疾患の遺伝的リスク因子が免疫細胞に与える量的・質的影響を詳細に評価しています。

本セミナーでは、これらの結果から見出された自己免疫疾患の病態について議論します。

講演二

「1細胞マルチモーダル計測によるヒトヘルパーT細胞の多様性」

京都大学 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 理研-IFOMがんゲノミクス連携研究チーム チームリーダー

村川 泰裕 先生

近年の1細胞トランスクリプトーム技術の発展により、ヒトの体を細胞レベルでボトムアップに観察することが可能となり、細胞の多様性に関する理解が進んでいる。それに伴い、新しい細胞種が次々と提唱されている。しかし、細胞の機能を深く理解するためには、遺伝子の発現のみならず、膜タンパク質の発現量などを同時に取得することが重要である。今回、我々はCellular Indexing of Transcriptomes and Epitopes by Sequencing (CITE-seq)法および独自に開発したシングルセル転写開始点解析法を組み合わせ、ヒトから採取した約100万個のヘルパーT細胞に適用した。これにより、ヒトの多様なヘルパーT細胞における遺伝子発現、エピジェネティック情報、ヒト疾患関連性、そして膜タンパク質発現をマルチモーダルに計測することができた。本セミナーでは、これらの結果から見出された分子や細胞について議論する。