
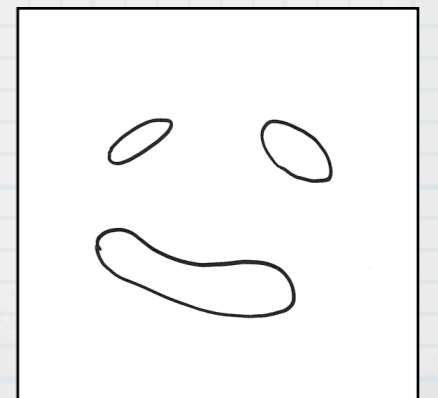


マイクロアレイ実習 (解析編)

2013年6月14,18,19日

自己紹介

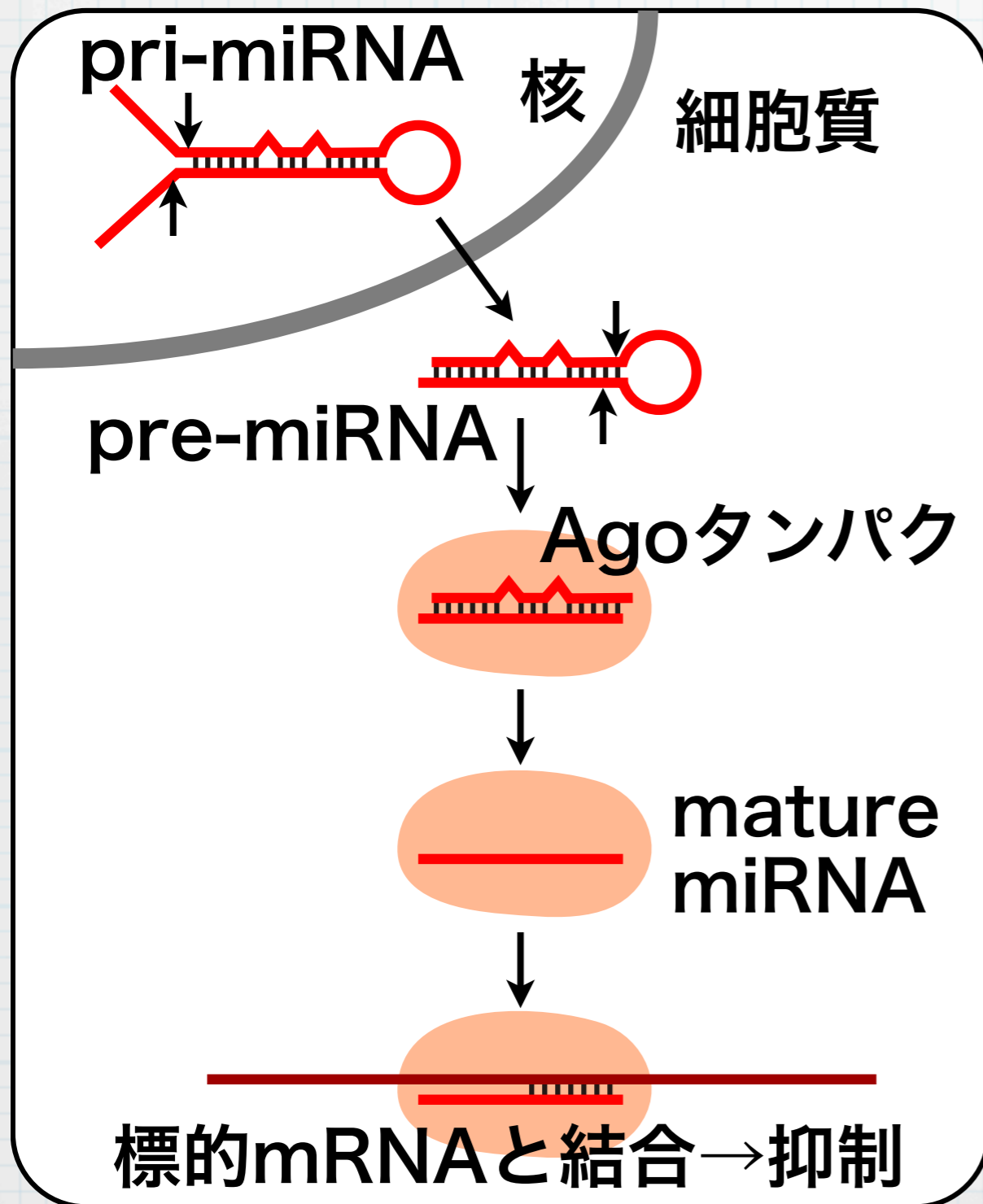
- 内藤 雄樹 (ないとう ゆうき)
- ライフサイエンス統合データベースセンター (DBCLS) 特任助教
- 生化出身、2011年の3月まで程研でRNAi, miRNA等の研究に従事
siRNA設計サイト: siDirect
- @meso_cacase 



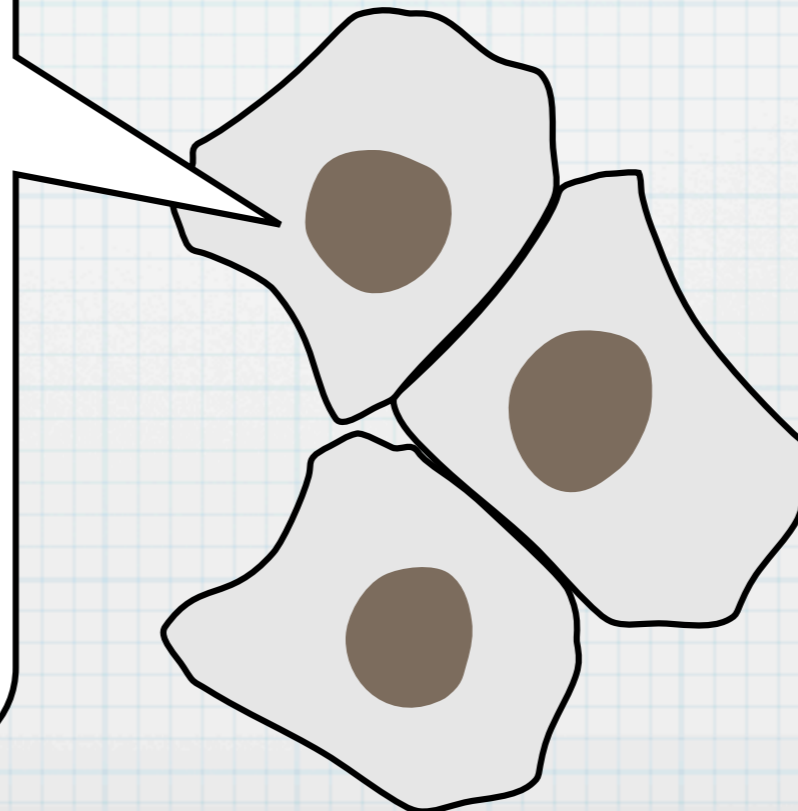
内 容

- マイクロアレイ実習のページ：
<http://bit.ly/microarray2013>
- ハイブリ終了→ Washのようす
- スライドの画像と数値化
- miRNAの標的認識について説明
- Excel(4日目), GeneSpring(5日目),
R(6日目) によるデータ解析

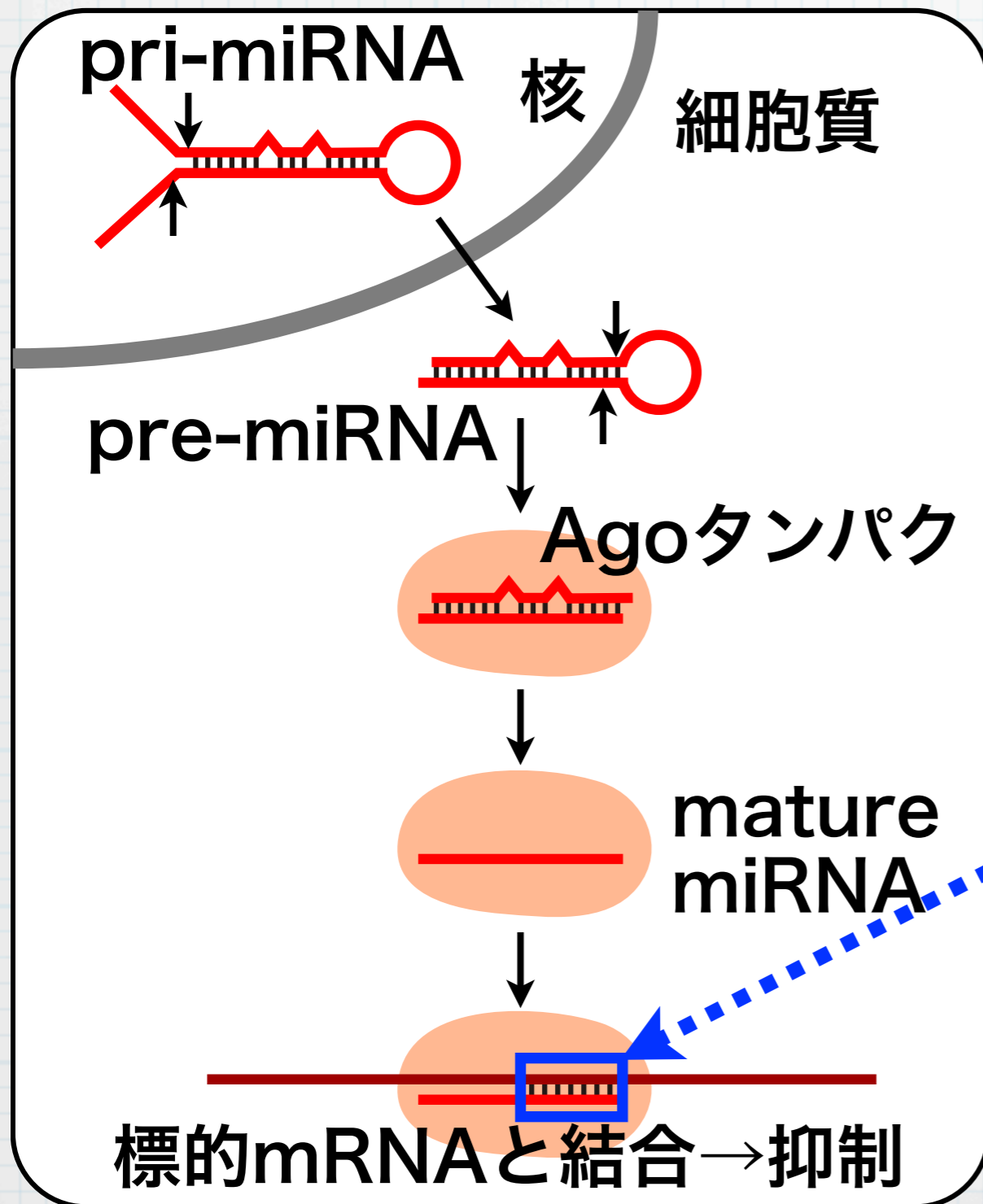
miRNAとは



- 22塩基程度の短いRNA
- ヒトで約2000種類 (2012.8)
- このうち機能がわかっているものはそれほど多くはない。

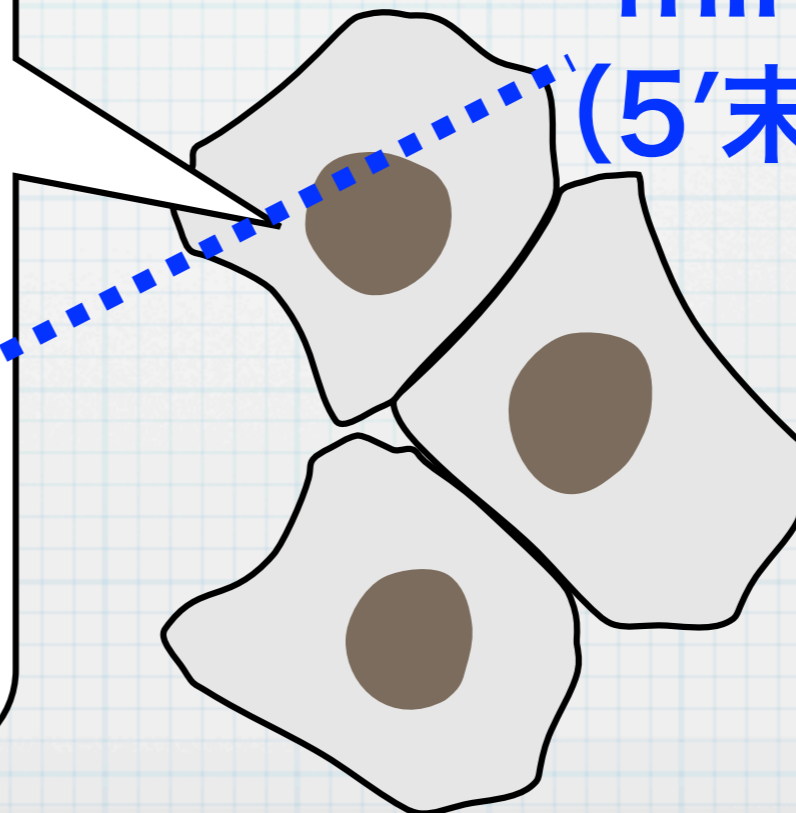


miRNAとは



- 22塩基程度の短いRNA
- ヒトで約2000種類 (2012.8)
- このうち機能がわかっているものはそれほど多くはない。

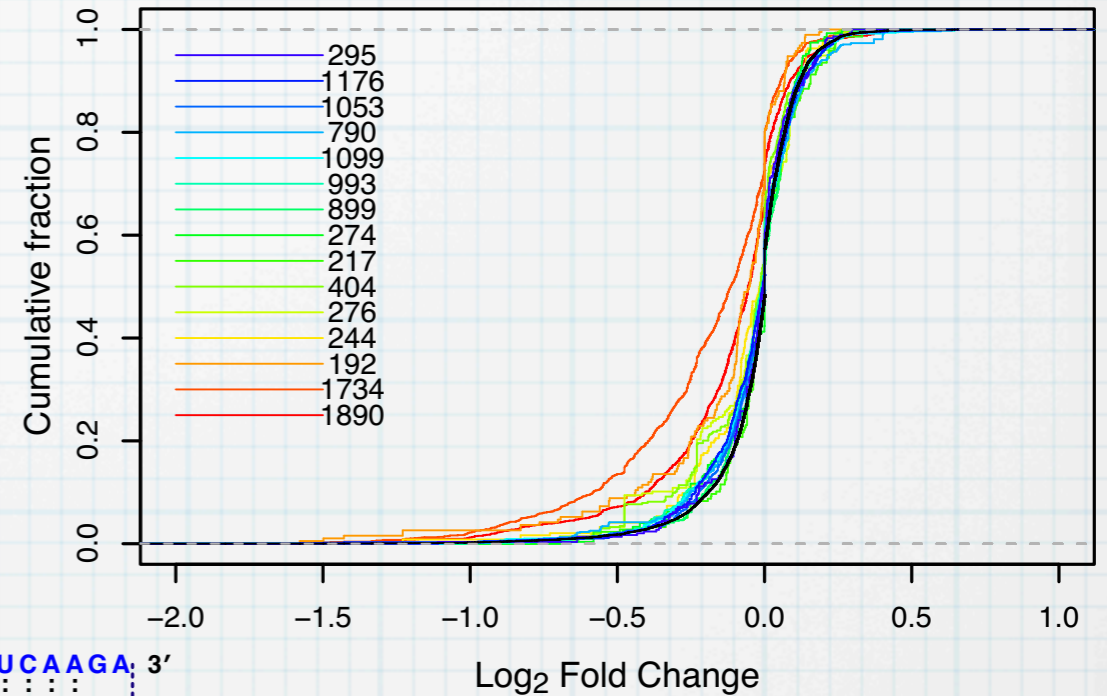
miRNAのseed
(5'末端から2-8)



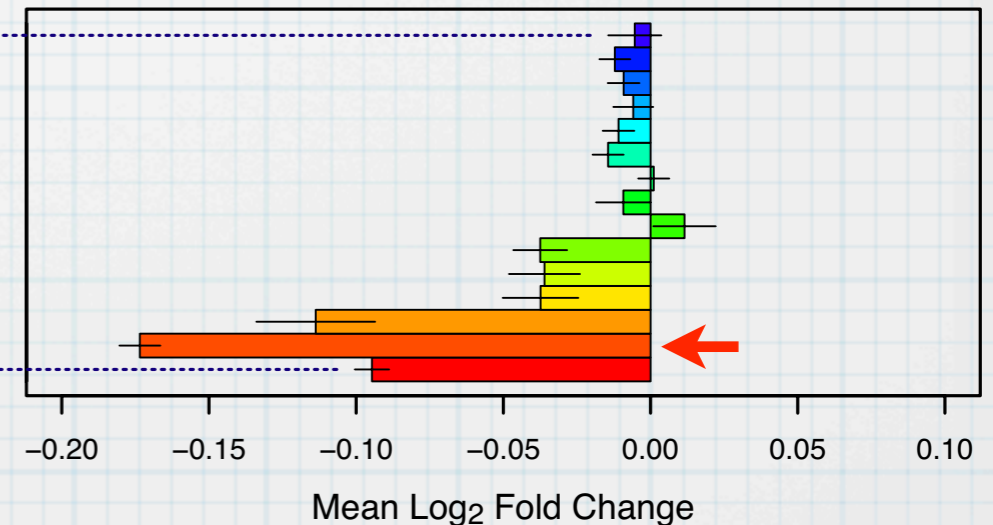
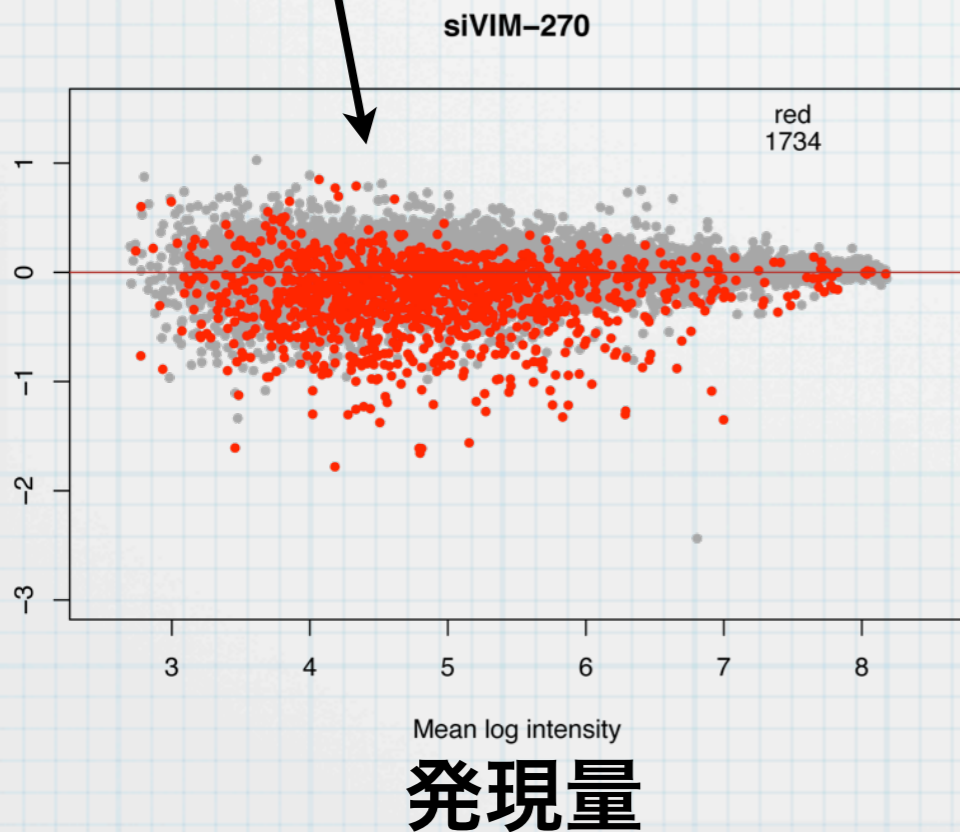
‘seed’ 領域 (5'末端から2-8の部位) の対合でmRNAが抑制される

seedと相補的なGAGUUCAを3'UTRにもつ1,734遺伝子を抽出、変動を調べた。

7-mer



siRNA導入後の発現量の変動



変動の平均値

miRNAの標的認識

- 7塩基のseedがmRNAの3'UTRと対合することで標的mRNAを抑制
- 7塩基マッチ：計算上16kBに1箇所
- 1つのmiRNAが多数の遺伝子を制御
- 実際にはseedが対合しても必ず抑制されるわけではない