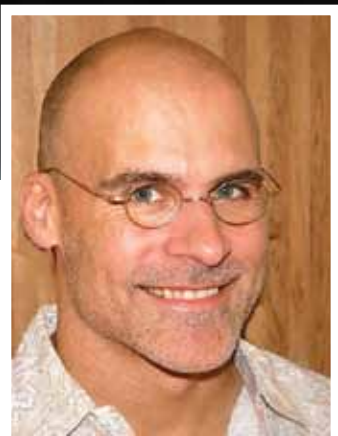


The Lady Davis Institute &
The McGill University-Génomique Québec Innovation Centre
present

A McGill Distinguished Lecture in Human Genetics

Exploration of gene regulatory mechanisms across eukaryotes via a compendium of DNA and RNA motifs



TIM HUGHES PhD

Professor, Donnelly Centre for Cellular and Biomolecular Research, University of Toronto

April 11, 2013, 4:00-5:30pm

Charles Martin Amphitheatre, McIntyre Medical Sciences Building
3655 Promenade Sir William Osler, Montreal, Quebec

A challenge to our understanding of genome function is lack of accurate and complete knowledge of the sequence preferences of DNA and RNA binding proteins. Current work in my laboratory is aimed at using in vitro assays to catalogue motifs on a genomic scale, thus separating

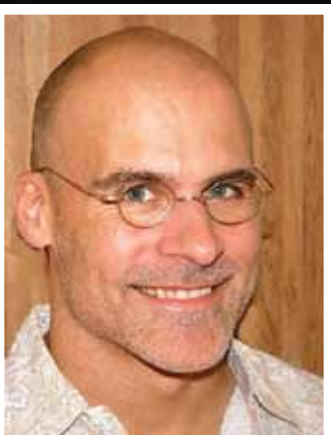
the intrinsic activities of the proteins from confounding effects present in vivo. These data are invaluable in understanding how cells recognize genomic features, how gene regulatory networks are organized, and nucleic acid-binding proteins regulate healthy and disease states.

Host: Dr. Rod McInnes
rod.mcinnis@mcgill.ca

L'Institut Lady Davis et le Centre d'Innovation Génome Québec
et Université McGill
présentent

Conférence de prestige en génétique humaine de McGill

L'exploration des mécanismes de régulation des gènes chez les eucaryotes à l'aide d'un compendium de motifs d'ADN et d'ARN



TIM HUGHES PhD

Professeur, Donnelly Centre for Cellular and Biomolecular Research, Université de Toronto

Le 11 avril, 2013, 16-17:30 h

Amphithéâtre Charles Martin, pavillon McIntyre des sciences médicales
3644, Promenade Sir-William-Osler, Montréal, Québec

Le manque de connaissances précises et entières des préférences séquentielles des protéines de liaison à l'ADN et à l'ARN compte au nombre des défis auxquels nous faisons face en tentant de comprendre le fonctionnement du génome. Les travaux de recherche que nous effectuons présentement dans mon laboratoire recourent à des analyses in vitro pour cataloguer les motifs sur une échelle génomique, retenant ainsi les activités

intrinsèques des protéines au dépend des effets confondants retrouvés in vivo. Ces données sont d'une grande valeur pour comprendre la manière dont les cellules reconnaissent les particularités du génome, la manière dont les réseaux de régulation génétiques sont structurés, et la façon dont les protéines de liaison aux acides nucléiques contrôlent l'état de santé ou de maladie.

animateur : Dr. Rod McInnes

rod.mcinnest@mcmcgill.ca