



SAMS Information

The University of Tokushima Graduate School, Institute of Health Biosciences,
Support Center for Advanced Medical Sciences (SAMS)

No. 91
2014/9/12

第103回 HBS研究部 先端医研テクニカルセミナー

効率的にゲノムワイドなDNAメチレーション解析を実施するために

総合研究支援センター 先端医療研究部門では、皆様の研究にお役に立つようなテクニカルセミナーをシリーズで開いております。

今回は、「**SeqCap Epi ターゲットエンリッチメントシステムを用いた次世代シーケンス解析**」について、ご紹介させていただきます。先端医研にも、これらに関連する MassArray や PyroMark 等の機器を設置しておりますので、今後のご利用のご参考になりましたらと思います。

ぜひとも多数の皆様にご参加いただけますよう、お願いいたします。

日 時	: 平成26年9月30日 (火) 16:00 ~ 17:00
場 所	: 第一カンファレンス室 (医学基礎A棟1階西)
講 師	: 北河 恵美子 (ロシュ・ダイアグノスティクス株式会社 シーケンスソリューショングループ)

プログラム

- 16:00 ~ 16:05 はじめに 先端医療研究部門 部門長 井本 逸勢
- 16:05 ~ 17:00 効率的にゲノムワイドなDNAメチレーション解析を実施するために 北河恵美子

概 要

次世代シーケンシングは、全ゲノムの解析を可能とした革新的な解析技法ではありますが、解析の労力やコストの面での問題があることも無視できません。DNAメチル化修飾を含むエピジェネティクスは、がん、インプリンティング異常、様々な生活習慣病や精神・神経疾患などの幅広い疾患に重要な役割を果たすとしてその重要性が近年ますます認識され、その網羅的で効率的な解析方法の確立が求められています。

本セミナーにおいては、効率的にゲノムワイドなDNAメチレーション解析を実施するためのSeqCap Epiシステムの様々な特徴を中心に、次世代シーケンサーを用いたエピジェネティクス解析についてご紹介いたします。

