



# SAMS Information

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

No. 57  
2011/11/16

## 第76回 HBS研究部 先端医研テクニカルセミナー

### 集積流体回路を用いた遺伝子解析技術 ～シングルセル発現解析および次世代シーケンサー用ライブラリー調整への応用を中心に～

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、リアルタイムPCRによる遺伝子解析において、Natureなど著名な雑誌に掲載される卓越したテクノロジーについて、実験のワークフローから論文紹介までお話しいただきます。是非とも多数の皆様のご参加をお願いいたします。

日 時	: 平成23年12月7日(水) 16:00 ~ 17:00
場 所	: 第一カンファレンス室(医学部基礎A棟1階)
講 師	: フリュードタイム株式会社 細野直哉

### プログラム

16:00 ~ 16:05	はじめに	先端医療研究部門長 佐々木 卓也
16:05 ~ 17:00	集積流体回路を用いた遺伝子解析技術 ～シングルセル発現解析および 次世代シーケンサー用ライブラリー調整への応用を中心に～	細野 直哉

### 概 要

近年、リアルタイムPCRによる遺伝子解析は、多検体で多遺伝子の解析を必要とするケースが増えつつあります。弊社では、集積流体回路利用したリアルタイムPCRシステム(BioMark system)を開発し、高精度(スペックとして2倍量差を識別)、高感度(反応ボリューム10nl/well)、低コスト(データポイント当たり約25円)かつハイスループット(流体集積回路1チップ当たり9216データポイント)を実現いたしました。全世界ですでに300台以上の実績があり、150報以上の論文がパブリッシュされております。

本製品の具体的なアプリケーションとしては、近年、癌、再生、生殖医療の研究分野において注目される、qPCRを用いたシングルセルの遺伝子発現解析があります。本製品では微量なmRNAから多検体、多遺伝子を効率的に解析することができるため1細胞レベルでの遺伝子発現の不均一性を検出して、ある細胞集団に存在する亜集団を同定していきます。

既に20以上の論文がNatureなど著名な雑誌に掲載される卓越したテクノロジーについて、本セミナーの中で、実験のワークフローから論文紹介までお話しさせていただきます。

また、このシステムを用いることで次世代シーケンサーによるアンプリコンシーケンスの為のライブラリー調整を効率的に行うこともできます。関連する、デジタルPCRやSNPタイピングのアプリケーションと共にご紹介させていただきます。