



SAMS Information

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

No. 72
2013/5/7

第87回 HBS研究部 先端医研テクニカルセミナー

Agilentのゲノミクスソリューション さまざまな遺伝子解析技術…どう使いこなすか

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。

最近では、様々な遺伝子発現やゲノム解析技術が生み出され、それぞれにユニークなデータを得られる時代になりました。今回は、多様な研究のシーンでどのような解析技術が有用なのかというビジョンから、特にマイクロアレイ解析、ターゲットエンリッチメントシステム、定量PCRシステムによる実用的な変異解析などのトピックスや解析で得られた膨大なデータをどのような解析ツールを使いこなして研究に有用な形にするかという点についてご紹介いたします。皆様のご参加をお待ちいたします。

なお、セミナー前半（基礎向け）、後半（臨床&基礎向け）の間に、先端医研を含む総合研究支援センターの各部門の研究支援状況についてご紹介するユーザー会を予定しておりますので、お気軽にご参加いただけますようお願いいたします。

日時：平成25年5月28日（火）13:10～17:00

場所：大塚講堂 小ホール1（大塚講堂2階）

講師：坊農 秀雄 先生 他

情報・システム研究機構ライフサイエンス統合データベースセンター（DBCLS） 他

プログラム

- | | | |
|-------------|---|----------------------|
| 13:10～13:15 | はじめに | 先端医療研究部門 部門長 井本 逸勢 |
| 13:15～14:00 | 次世代シーケンス解析（RNA-Seq）とマイクロアレイ解析
～ 上手な使い分け ～ | アジレントテクノロジー(株) 津本 裕子 |
| 14:00～14:55 | 医学研究者は大規模データをどう使い倒すべきか
情報・システム研究機構ライフサイエンス統合データベースセンター（DBCLS） | 坊農 秀雄 |
| 15:00～15:40 | 先端医研ユーザー会 | |
| 15:40～16:30 | 膨大すぎるゲノム配列情報を臨床研究に活用するために
～ ターゲットエンリッチメントシステムの活用 ～ | アジレントテクノロジー(株) 吉崎 史子 |
| 16:30～17:00 | コンパニオン診断（CDx）に有用な定量PCRシステムによる迅速変異検出法
～ SmartAmp法およびEprobe PCR法によるEGFR、KRASの変異検出～ | ダナフォーム(株) 三谷 康正 |

【キーアプリケーション】

- ・次世代シーケンス; 全ゲノム解析、RNA-Seq、ターゲットエンリッチメントシステム
- ・バイオインフォマティクス; ライフサイエンス統合データベースの利用
- ・DNAマイクロアレイ; 遺伝子発現量解析
- ・リアルタイムPCR; 特異的遺伝子変異検出