



SAMS Information

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

No. 99
2016/6/7

第108回 医歯薬学研究部 先端医研テクニカルセミナー

<1部> PyroMark システムを用いたメチル化・変異定量解析 <2部> 分子バーコード技術を使用した NGS 遺伝子発現解析

総合研究支援センター 先端医療研究部門では、皆様の研究の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、当センターに設置しております PyroMarkシステム を用いた、メチル化・変異定量解析をアプリケーション例を中心に、バリデーションツールとしての実例を交えてご紹介します。2部では QIAseq Targeted RNA Panel についてお話します。多数の皆様のご参加をお待ちしております。

日 時	: 平成28年6月30日 (木) 15:00 ~ 16:20
場 所	: 第一カンファレンス室 (医学基礎A棟 1階西)
講 師	: 福世 裕貴子(キアゲン (株) テクニカル・アプリケーション カスタマーサポート部) 瀬藤 拓也 (キアゲン (株) マーケティング部)

プログラム

15:00 ~ 15:05	はじめに	先端医療研究部門 部門長 井本 逸勢
15:05 ~ 15:35	PyroMarkシステムを用いたメチル化・変異定量解析	福世裕貴子
15:40 ~ 16:10	分子バーコード技術を使用したNGS遺伝子発現解析	瀬藤 拓也
16:10 ~ 16:20	質疑応答	

概 要

<1部> PyroMark システムは、次世代シーケンシング・マイクロアレイ等のゲノムワイドな解析手法のバリデーションや、得られた知見を用いた多検体解析に対応可能な DNAシーケンサーです。シーケンススペースの手法により1回のランで複数のCpG・mutationサイトを測定します。

今回はPyroMark システムで提供可能なメチル化・変異定量解析のアプリケーション例を中心に、バリデーションツールとしての実例も交えてご紹介いたします。



<2部> 現在のRNAシーケンシングでは、PCR duplicateや増幅バイアスにより、遺伝子発現解析結果が不正確になることがあります。QIAGENのQIAseq Targeted RNA Panelでは、増幅ステップの前に転写物に分子バーコードを付加しており、その分子バーコードをカウントすることで、PCR duplicateを除いた正確な転写物量を測定することができます。本セミナーでは、本システムの基本情報をご紹介します。