

# SEQUENOM<sup>®</sup>

## MassARRAY<sup>®</sup> systemの紹介



**MALDI TOF質量分析装置によるゲノム解析システム  
ゲノム研究における、定量と定性解析を実現！**

**SNPタイピング・・・バイアレル、トリアレル、Mutationも解析**

**日時：平成22年 6月25日(金) 16:00～(1時間程度)**

**場所：医学部 基礎医学棟2階 大学院第1講義室**

**演者：シーケノム株式会社 片山 稔**

**内容：・MassARRAYの原理 ・SNPジェノタイピングの方法  
・SNPジェノタイピングの実例 ・機材、試薬の紹介**

**対象：教職員・大学院生・学生・研究生**

平成21年度補正予算により、SEQUENOM社のMassARRAYシステムが導入されました。つきましては、今後ご利用いただく為に、SNPジェノタイピングアプリケーションのセミナーを開催させていただきます。MassARRAYシステムは、PCRの検出感度を活用したシンプルなプロトコルと、MALDI-TOF 質量分析計の検出精度を組み合わせた、ハイスループットかつ高精度なDNAならびにRNAの定量解析ができるシステムです。SNPアプリケーションは、PCR反応によるサンプル調整を行い、多重化反応(マルチプレックス)させることで、最大40アレルを1反応で解析出来、一日900検体(反応)以上の、ハイスループット解析をサポートします。従来の、アレイ技術やリアルタイムPCRの原理である、蛍光色素による標識や、ハイブリダイゼーション反応などが不要のため、時間や費用コストを抑えることができます。本セミナーでは、SNPジェノタイピングのアプリケーション、機器原理などについて紹介させていただきます。

参加人数把握のため6月23日(水)までに、共同実験室 (086-235-7472) まで、教室(学籍)・氏名・内線をご連絡ください。

本件担当:共同実験室 田丸 聖治(内7472) ktamaru@md.okayama-u.ac.jp  
世話人:分子遺伝学 大内田 守(内7379) ouchidam@md.okayama-u.ac.jp

**\* 大学院医歯薬学総合研究科の単位認定になりますので、  
院生は出席記録(配付済み講義要項)をご持参下さい。**