

SEQUENOM®

MassARRAY® 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23年 8月9日(火) 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

SEQUENOM社のMassARRAYシステムが導入され、1年を経過しました。
御利用の皆様には、新たな技術情報を、また、興味はありながら、未利用の皆様には、あらためて、MassARRAYシステムを、紹介させていただく機会となるよう、セミナーを開催いたします。
基本装備アプリケーション「SNPジェノタイピング」技術、また、本技術から拡張した、魅力ある解析バリエーションについて、紹介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。

参加人数把握のため 8月5日(金)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
詳細・問合せ:高塚ライフサイエンス(株) 十島 陽介 ytoshima@takatsuka.co.jp

*** 大学院医歯薬学総合研究科の単位認定の対象となりますので、
博士課程大学院生は、みなす講演会出席記録をご持参ください。**