

次世代シーケンサーMiSeq の機器取り扱い説明会開催のご案内



疾患プロテオゲノム研究センターにおいて、共同利用機器として導入されたデスクトップ型次世代シーケンサーMiSeq の機器取り扱い説明会を開催いたします。

本学では既に次世代シーケンサーHiSeq1500 が導入されており、1 ランの 2×100 bp の High-output シーケンスにより最大 30 億リード、300 Gb のデータ量を出力することが可能となっておりますが、データ出力まで 10 日程度を有しシーケンスクラスターを別途装置で形成する必要があること、出力データの解析が問題点でありました。このような点を踏まえ、今回導入された MiSeq は小型化されたデスクトップ型次世代シーケンサーで、クラスター形成・DNA シーケンス・解析を 1 台で実施することが可能であり、最大 2500 万のリード数と、1 ランあたり 2×300 bp のペアエンドリード長により最大で 15 Gb のシーケンスデータをわずか 1 日で迅速に出力することが可能です。エクソーム解析や、ターゲットアンプリコンシーケンス、de novo シーケンス、ChIP シーケンスなどのゲノムシーケンス、mRNA シーケンスによる遺伝子発現解析などのアプリケーションに幅広く対応しています。本機器の使用説明会を下記の通りに開催いたしますので、ご興味のある先生方は奮ってご参加下さい。

使用説明会

日時/場所

平成 25 年 10 月 30 日 (水) 10:00-16:30

疾患プロテオゲノム研究センター 1F 交流ホール

平成 25 年 10 月 31 日 (木) 13:00-16:00

疾患プロテオゲノム研究センター 1F 会議室

内容

1. MiSeq の概要とセットアップ方法、解析概要
2. シーケンスライブラリの調整概要、キットの概要

お問い合わせ先 : 疾患プロテオゲノム研究センター ゲノム制御分野 小松正人/片桐豊雅

(内線:9476) komatsu@genome.tokushima-u.ac.jp

株式会社 四国八洲 重本裕之 (電話:088-5144-0748)