

NGS 発現解析セミナー

演者：Thermo Fisher Scientific テクニカルサポート 河井 陽一

日時

2026年 7月 9日 (木) 16:00~17:00

概要

Ion Torrent システムによる 発現解析とデータ解析ツールのご紹介

次世代シーケンサーで得られたデータを、どのように解析し、研究成果につなげるかは非常に重要です。

本セミナーでは、信州大学 基盤研究支援センター 機器分析支援部門・伊那分室様で受託解析として実施されている、Ion Torrent システムを用いた発現解析アプリケーションをご紹介します。また、弊社が無償で提供している解析ツールの概要に加え、データ解析の流れについて実演を交えながら解説します。

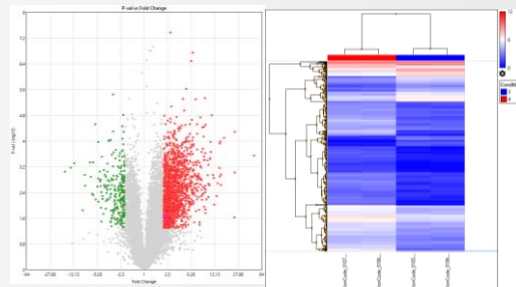
発現解析 (ヒト&マウス):

Ion AmpliSeq Transcriptome

- PCRベースで約 2 万遺伝子を対象とした発現解析
- 少量/分解サンプルに対応
- 迅速かつ簡便なデータ解析

⇒ **¥33,000** /検体

データ解析の実演も行います



参加

オンライン：Microsoft Teams

QRコードまたは以下の登録フォームからお申込みください
<https://events.teams.microsoft.com/event/98e7c2a2-4650-4547-95ab-a5ecca5bf4ce@b67d722d-aa8a-4777-a169-ebeb7a6a3b67>



お問い合わせ先

信州大学 基盤研究支援センター 機器分析支援部門・伊那分室 様
kikibun_ina@shinshu-u.ac.jp



サーモフィッシャーサイエンティフィック ライフテクノロジーズジャパン株式会社
営業部 久野木 悠仁 yujin.kunoki@thermofisher.com

解析詳細

○マッピング済みデータの返却

各遺伝子にマッピングを行い**正規化済みのデータ**を返却
ファイルサイズの大きい**生データからの解析は不要**

遺伝子名 Gene	Target	サンプルごとの発現量		
		IonXpress_001	IonXpress_002	IonXpress_003
SEC24B-AS1	AMPL3774184	1.009	1.604	1.351
A1 BG	AMPL1742561	4.34	6.532	6.175
A1 CF	AMPL3659345	10.699	7.678	8.008
GGACT	AMPL1736765	0.202	0.344	0.289
A2M	AMPL1384	184.41	207.54	232.623

○Transcriptome Analysis Consoleによる解析

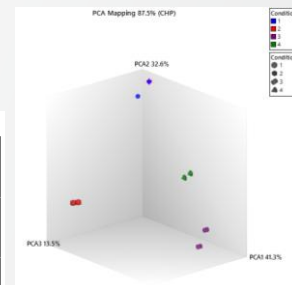
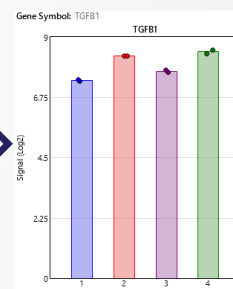
返却データに含まれる専用ファイルからおよそ**1分**で解析

直感的な操作でサンプルの群間比較

解析ソフトウェアは無償でダウンロード可能



Transcriptome
Analysis Console



受託詳細

①解析依頼

測定依頼シート (<https://www.kikibun-ina.com/> からダウンロード)
にサンプル名を入力し、kikibun_ina@shinshu-u.ac.jpへお送りください。

②サンプル提出

- ・ドライアイスと共にクール便でサンプルをお送りください。
* サンプルの確実な受け取りのため、発送前にご連絡をお願いします。
- ・RNAとして10ng/μl以上の濃度で10μl以上ご用意してください。
* 濃度や量が少ない場合はご相談ください。

③測定およびデータ返却

16検体集まり次第の測定となります。お急ぎの場合は事前にご相談ください。
以下の3種類のデータをメールにてお送りします。

- ・遺伝子ごとのリードカウントデータ
 - ・**CHPファイル** (TACソフトウェアで解析する際に使用)
 - ・サンプルごとのリード数データ
- ※生データ (FASTQ/BAM/BAI) が必要な場合はUSBメモリをご用意ください