



JSP in Tokyo 2017



第106回

日本病理学会総会



The 106th Annual Meeting of the Japanese Society of Pathology

第106回日本病理学会総会 / イルミナ株式会社共催

ランチョンセミナー (LS4)

日時：2017年4月27日(木) 12:00 ~ 12:50

会場：京王プラザホテル D会場(錦)

招待講演

演題：組織病理学、分子生物学、
および次世代シーケンシングの統合による
融合遺伝子の同定

演者：公益財団法人 がん研究会 がん研究所 分子標的病理プロジェクト /
がん研有明病院 病理部
竹内 賢吾 先生

企業講演

演題：NGSで攻略する病理組織検体からのゲノム解析

演者：イルミナ株式会社 マーケティング本部
深田 ひとみ

(要旨詳細は裏面へ)

※ランチョンセミナーは整理券制となります。開催当日午前8時より5階ホワイエにて整理券を配布いたします。
セミナー開始10分後には整理券は無効となります。

■ セミナーに関するお問い合わせ先 contactJPN@illumina.com

イルミナ株式会社
〒108-0014 東京都港区芝 5-36-7 三田ベルジュビル 22 階
jp.illumina.com

illumina®

組織病理学、分子生物学、 および次世代シーケンシングの統合による 融合遺伝子の同定

がん研究会 がん研究所 分子標的病理プロジェクト / がん研有明病院 病理部
竹内 賢吾 先生

組織病理学的アプローチを用いた独特の融合遺伝子スクリーニングシステムを開発し、いくつかのドライバーキナーゼ融合遺伝子を発見してきた。病理標本を用いた探索法であるため、そのまま実地病理診断へ応用可能であるし、既に多数例で検証できているということになる。

しかしながら、この領域での主要ツールが次世代シーケンサーになることはすでに明白である。そしてそれは、増加の一途をたどる各種分子標的の実地診断をどうするかという問題、すなわち多数の標的を少量の検体で一度に診断するマルチプレックス化という問題の、有力ないし唯一の解決法となる。

今回は、100例の腺様嚢胞癌の解析による病因論的考察を主体に、組織病理学、分子生物学、および次世代シーケンシングを活用した融合遺伝子同定法について自験例をもとに概説したい。

NGS で攻略する病理組織検体からのゲノム解析

イルミナ株式会社 マーケティング本部
深田 ひとみ

長期間保存される病理組織検体は、過去の症例にまでさかのぼるレトロスペクティブな解析ができるため、疾患研究において貴重なサンプルです。最新の次世代シーケンサー（NGS）技術を使えば、ホルマリン固定パラフィン包埋（FFPE）組織検体などの病理組織検体から抽出されたDNA/RNAを用いて、遺伝子解析を行うことができます。病理組織検体からの遺伝子解析は、特にがんやその他の疾患研究における疾病メカニズムの解明や、治療標的の候補となる有用な遺伝子情報の探索に有用であり、広く活用されるようになっていきます。

その一方で、病理組織検体の作製・保存状態によっては、DNA/RNAが分解し、遺伝子解析が困難なケースも見られます。イルミナでは、こういった課題を克服し、分解が進んだ病理組織検体からでも融合遺伝子などの疾患に関わる重要な情報を得ることができる、アッセイをご提供しています。本セミナーでは、分解したサンプルから質の高いサンプルまで、幅広い病理組織検体に対応できる、NGSを用いた遺伝子解析手法についてご紹介いたします。