



Pozvánka na seminář

10. květen 2011 v 10:00 - Praha, Vídeňská 1958/9, přednáškový sál IKEM

11. květen 2011 v 9:30 - Brno, Husova 16, Hotel International (sál Kaskáda)

Program akce:

Zahájení

Mgr. Dalimil Žůrek, BA Manager Roche Applied Science (Roche s.r.o., CZ)

The most recent developments in qPCR as well as exciting insights into Roche's R&D pipeline

Dr. Michael Hoffmann, International Marketing Manager for qPCR (Roche, Germany)

microRNA signatures for colon cancer & microRNA analysis in clinical formalin fixed tissue samples and human blood plasma samples

Dr. Carsten Alsbo, Global Product Manager & Technical Sales (Exiqon, Denmark)

Coffee break

Melting curve based testing for heritable (SNP) and acquired (cancer-related) mutations

Dr. Olfert Landt, CEO (TIB MOLBIOL, Germany)

MagNA Pure 96 integration in an automatic workflow

Dr. Franco Bertolucci, Application Specialist (Roche Applied Science Customer Support Center EMEA, Germany)

Analýza jednotlivých buněk - cesta k heterogenitě

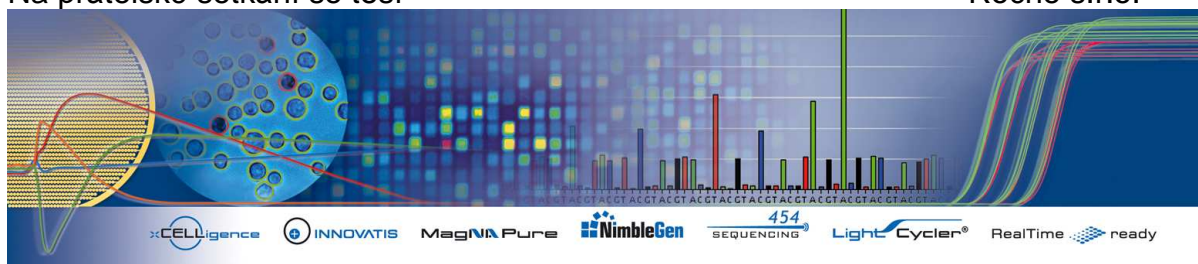
Ing. Vendula Rusňáková, Lector for TATTA Biocenter (Department of Gene Expression, Institute of Biotechnology, Academy of Science of Czech Republic, CZ)

Oběd (cca. ve 13:00 h)

V případě vašeho zájmu vás prosíme o registraci účasti na tomto semináři e-mailem na adrese: czech.appliedscience@roche.com. Registrace není závazná, slouží pro odhad počtu účastníků. Děkujeme. Toto sdělení neplatí pro již dříve registrované účastníky.

Na přátelské setkání se těší

Roche s.r.o.





The most recent developments in qPCR as well as exciting insights into Roche's R&D pipeline

Dr. Michael Hoffmann, International Marketing Manager for qPCR (Roche, Germany)

Abstract:

Roche Applied Science is a unique provider of systems for genomic research. Offering platforms for a broad range of applications - from automated sample preparation and next-generation sequencing to microarrays and qPCR - , we enable scientists to meet today's challenging task of rapidly generating biologically meaningful data.

For high-end qPCR and genetic variation analysis, the Roche LightCycler® Systems offer outstanding speed and accuracy, providing users with a broad range of versatile data analysis methods. The presentation will introduce recent developments and applications for this platform, e.g., expression signature determination or discovery of epigenetic variation.

In the field of qPCR, the MIQE guidelines, recently established by international opinion leaders, have set new standards. Function-tested, ready-to-use RealTime ready assays now enable qPCR users to meet publication requirements more easily and are easily configured online. Combined with these assays, a new method to rapidly isolate nucleic acids and do qPCR directly from lysates will be presented as a useful option to accelerate gene expression workflows in the lab.

Finally, an insight will be provided into Roche's R&D pipeline for tomorrow's qPCR instrumentation.

microRNA signatures for colon cancer & microRNA analysis in clinical formalin fixed tissue samples and human blood plasma samples

Dr. Carsten Alsbo, Global Product Manager & Technical Sales (Exiqon, Denmark)

Abstract:

The field of miRNA represents a new dimension to global regulatory networks that is important for cell physiology. miRNAs are small non-coding RNAs predicted to regulate the expression of up to 30% of all protein-coding genes by binding to sites within the 3' UTR of mRNAs.

The study of miRNA requires special approaches to sensitively and accurately detect such small molecules. Exiqon has developed several technological platforms based on Locked Nucleic Acid (LNA™) to detect miRNAs and uncover their functions.

In this seminar we will present a case study generating a microRNA signature for early detection of colon from colon cancer. The project include the use of laser capture micro dissection, *in situ* hybridization as well as qPCR for detection and localization of microRNAs in tumor sections and blood serum/plasma samples.

The second case study, we illustrate the possibility to find biomarkers by qPCR screening of blood serum/plasma microRNAs in responders to experimental drug.

Finally we will present two different platforms to obtain whole microRNA profiles:

The miRCURY LNA™ Array – showing exceptional specificity making them suitable for profiling harsh samples like FFPE samples.

The miRCURY LNA™ Universal RT microRNA PCR System that can be used to obtain a whole microRNA profile from just 70 µL blood serum or plasma sample.

Melting curve based testing for heritable(SNP) and acquired(cancer-related) mutations

Dr. Olfert Landt, CEO (TIB MOLBIOL, Germany)

Abstract:

Complex melting curve capabilities (e.g. scrapie = 11 types from one well) versus parallel testing (LightSNiP) will be discussed including comparison to HRM (examples for wrong results for medical relevant SNPs). In addition there will be discussed the principle of clamping (minimal amounts of mutations).

MagNA Pure 96 integration in an automatic workflow

Dr. Franco Bertolucci, Application Specialist (Roche Applied Science Customer Support Center EMEA, Germany)

Abstract:

The MagNA Pure 96 System purifies DNA, RNA, and viral nucleic acids from a wide range of starting materials using proven magnetic glass particle technology.

Preprogrammed software protocols are tailored to the most different sample requirements. Resulting nucleic acids are ideal for all possible downstream applications.

The combination of the automated liquid handling robot MagNA STARlet with the MP96 is an example of higher level of workflow integration. We offer a modular concept, allowing flexibility in upstream (i.e. primary sample handling) and downstream processes (i.e., PCR set-up). The MagNA STARlet can handle all standard types of tubes and can pipet up to 96 samples into the MP 96 plate in approx 20 minutes. The possibility of directly transferring the nucleic acids into LightCycler® 480System plates opens the way to a vast range of assays such as gene expression profiling or in detecting genetic variations.

Analýza jednotlivých buněk - cesta k heterogenitě

Ing. Vendula Rusňáková, Lector for TATTA Biocentrum (Department of Gene Expression, Institute of Biotechnology, Academy of Science of Czech Republic, CZ)

Abstract:

Expresní profilování jednotlivých buněk se stává stále významnějším nástrojem v charakterizaci zdánlivě homogenních tkání. Měření genové exprese v jednotlivých buňkách je limitováno malým množstvím vzorku a citlivostí měření. Mezi modely studované v naší laboratoři patří astrocyty. Tyto buňky mají podpůrnou funkci pro neurony, jsou zodpovědné za zachování extracelulární iontové rovnováhy, výživy buněk, reparaci atd. Pomocí imunohistochemické analýzy jsme našli dva typy astrocytů, které se liší v reakci na nedostatek glukózy a kyslíku a to tzv. high response a low response astrocyty. Existence těchto dvou typů astrocytů může být dána rozdílnou aktivitou transportérů aminokyselin, sodno-draselno-chloridových kotransportérů případně aniontových kanálů zodpovědných za regulaci objemu. S použitím Cellyseru se nám podařilo optimalizovat analýzu jednotlivých buněk bez použití extrakčních kitů. Suspenze buněk myši mozkové kůry byla tříděna pomocí fluorescenčně aktivovaného buněčného třídění (FACS) přímo do lyzačního pufru v destičce pro reverzní transkripci. Následně bylo změřeno 10 genů, které mohou být zodpovědné za různé vlastnosti astrocytů. Bylo ukázáno, že reverzní transkripce ani qPCR reakce není inhibována lyzačním pufrům. Pomocí pokročilých statistických metod jako je analýza jednotlivých komponent (PCA), hierarchiální klastrování a SOM jsme byli schopni rozlišit tři skupiny astrocytů, skupinu nezralých astrocytů a dvě další skupiny lišící se v expresi chloridových kanálů (Clcn2), glutamátových receptorů (Eaat1 a Eaat2) a draselných kanálů (Kcnk2, Kcnj10 a Kcnj16).

