



SAMS Information

The University of Tokushima Graduate School, Institute of Health Biosciences,
Support Center for Advanced Medical Sciences (SAMS)

No. 46
2011/5/10

第67回 HBS研究部 先端医研テクニカルセミナー

DNAメチル化解析とSNPを用いたコピー数解析 ～マイクロアレイで解析するもう一つのゲノム研究～

本セミナーでは最新の情報を搭載し飛躍的に進化したDNAメチル化解析用マイクロアレイと、SNPマイクロアレイを用いたコピー数解析を中心に、イルミナ社 iScan を用いて可能になる強力なゲノム・エピゲノム解析アプリケーションについてご紹介いたします。是非とも多数の皆様のご参加をお願いいたします。

日 時	: 平成23年5月27日(金) 16:30 ~ 17:30
場 所	: 第一カンファレンス室 (医学部基礎A棟1階)
講 師	: イルミナ株式会社 植野

プログラム

16:30 ~ 16:35	はじめに	先端医療研究部門長 佐々木 卓也
16:35 ~ 17:30	DNAメチル化解析とSNPを用いたコピー数解析 ～マイクロアレイで解析するもう一つのゲノム研究～	植野

概 要

近年、世界中で多くの次世代シーケンサーが導入され、1000人ゲノムプロジェクトや国際癌ゲノムコンソーシアムなど、ゲノム研究で幅広く活用され多くの成果が出てきました。得られた膨大なゲノム情報から、新規のDNAメチル化部位や低頻度のSNPなどの新たなコンテンツが見いだされ、それらが低コストでサンプル処理能力に優れたマイクロアレイ製品に次々と応用されて来ています。DNAメチル化サイトのゲノムワイドな検出には、癌・iPS/幹細胞の専門家により選ばれた45万箇所(2011春までは2.7万箇所)のDNAメチル化サイトが搭載されたアレイを用います。抗メチル化シトシン抗体やメチルDNA結合タンパクによる免疫沈降法を用いず、バイサルファイト処理DNAを用いて検出するため、必要なサンプル量はDNAで500ngと少なく、再現性は極めて高いものとなっています。一方コピー数解析用アレイは、信頼性の高いイルミナのSNP検出技術を基盤として、通常のアレイCGH法では困難なアレル毎のコピー数検出が可能でありLOHや片親性ダイソミー(UPD)解析が容易であることや、専用の試薬による処理でホルマリン固定パラフィン包埋(FFPE)標本などの断片化・化学修飾が進んだサンプルを用いた解析でも可能であるなどの特徴があります。

本セミナーは以下のアプリケーションに興味をお持ちの方には特にお勧めです。

- ・ DNAメチル化解析
- ・ SNPアレイを用いたコピー数解析
- ・ 1000人ゲノムコンテンツ搭載のSNPジェノタイピング