

* * * テクニカルセミナー

Roche

■次世代シーケンサーの活用：SeqCap EZ を用いたターゲットシーケンシング

日程：2012年5月30日 16:00～

場所：教職員ロビー

演者：ロシュ・ダイアグノスティックス株式会社 AS 事業部 アレイ LCM グループ 北河 恵美子

次世代シーケンサーの登場により全ゲノムレベルの塩基配列の解析が可能となり、様々な研究の可能性が飛躍的に広がりました。一方で、全ゲノム、つまり30億塩基（ヒト）の配列を全て明らかとするにはコストや労力が非常に大きな負担となります。この問題を解決する手法として開発されたのが「シーケンスキューチャー」法です。次世代シーケンシングのワークフローは通常、ゲノムDNAを出発サンプルとして、1. ライブラリ調製、2. 増幅（エマルジョンPCR、ブリッジPCRなど）、3. シーケンシング反応（パイロシーケンス反応、蛍光dNTPの取り込み）、という3つのステップで実験を進めますが、シーケンスキューチャーは1. と2. との間の工程として実施します。シーケンスキューチャーでは、特定領域のみの塩基配列データを解析することが可能となりますので、ゲノム解析を効率良く迅速に進めていただくことが可能となります。

シーケンスキューチャーの原理は、目的の領域（“ターゲット領域”）のデータベース登録配列に対して設計したオリゴDNAプローブと、ゲノムから調製するライブラリ断片とのハイブリダイゼーションを利用しています。オリゴDNAプローブはデータベース登録配列から設計しますので、ターゲット領域はゲノム上の連続した領域でもエクソン配列の様に断片的な領域でも、研究目的に合わせて自由に設定することができます。オリゴDNAプローブとハイブリダイゼーションしなかったゲノムライブラリ断片を洗い流すことで、ターゲット領域のゲノム断片が回収でき、目的の領域のみを効率的にシーケンシングすることができます。

ロシュ・ダイアグノスティックスでは、ヒト全エクソンをシーケンスするための試薬であるSeqCap EZ Human Exome Libraryと、任意の領域をシーケンシングするためのSeqCap EZ Choiceを販売しております。SeqCap EZ Human Exome Library v2.0はヒトの3万以上の遺伝子の全エクソン44Mbをターゲットとし、1サンプルをIllumina GAIIの1レーンに流すことで十分な結果が得られます。SeqCap EZ Human Exome Library v3.0は様々なデータベース情報から網羅的なエクソームをカバーするよう設計されています。他方、SeqCap EZ Choiceでは疾患関連領域などの研究対象の特定の領域のみに対してディープシーケンスを実施することが可能です。本セミナーでは、シーケンスキューチャーの原理からデータの見方についての概要をご紹介します。

