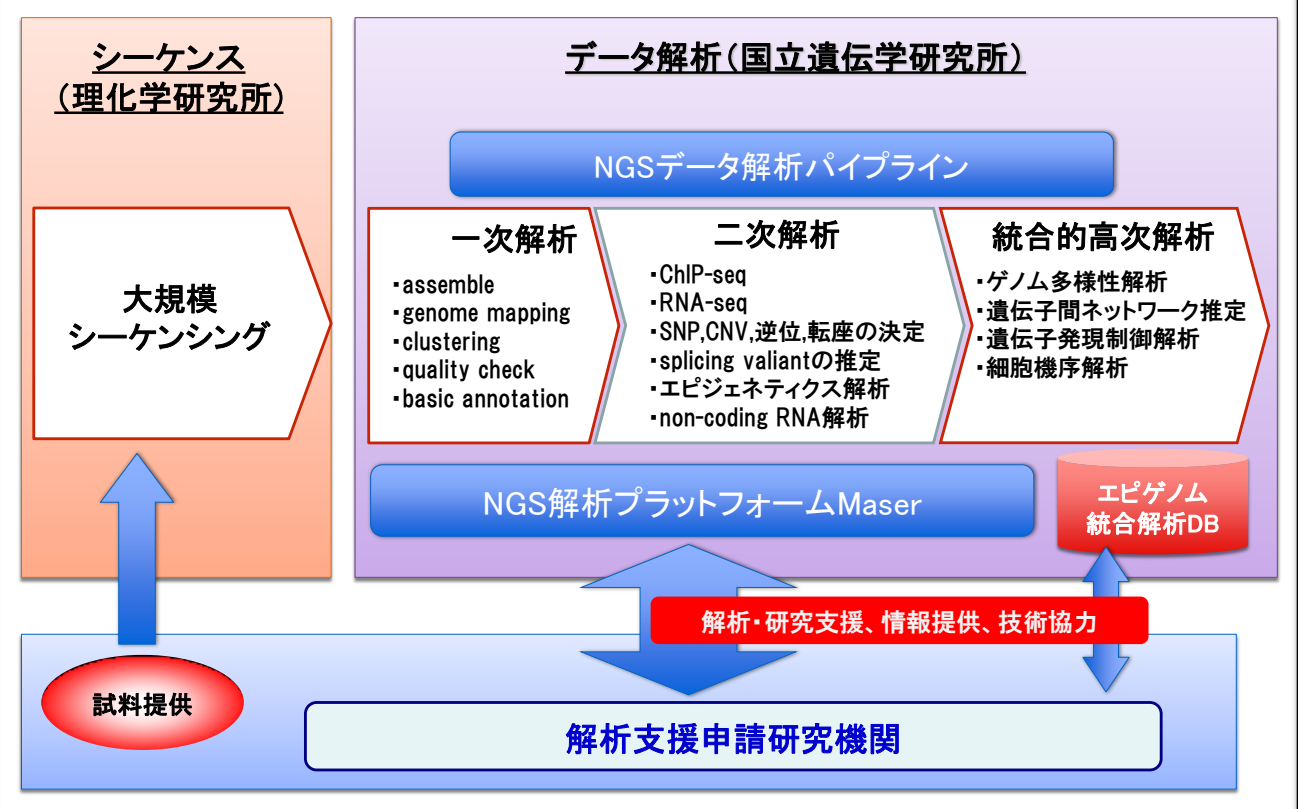


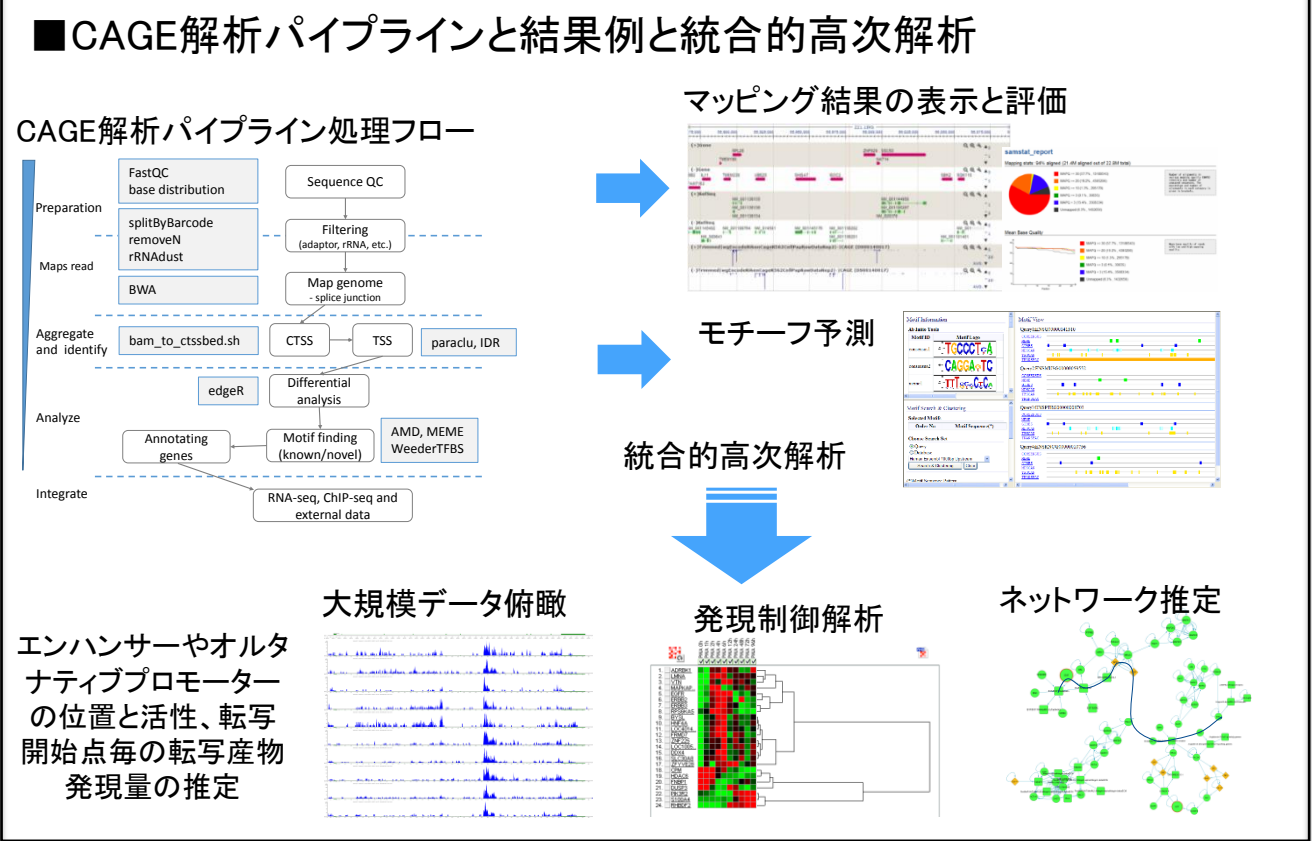
# エピゲノミクス高度化データベース構築

## [技術の概要]

- 分担機関の国立遺伝学研究所では次世代シーケンス(NGS)のCAGEを含めたデータ解析用プラットフォームMaserを構築しました。
- Maserでは150本以上の解析ツールが利用可能な1,500本以上の多様な解析メニュー(パイプライン)を構築し、その内433本を一般利用に公開中です。



## [技術の利用例]



## 連絡先

[所属] 情報・システム研究機構  
国立遺伝学研究所

[名前] 池尾一穂

[E-mail] kikeo@nig.ac.jp

# PBAT法による高感度メチローム解析

## [技術の概要]

Post-Bisulfite Adaptor Tagging (PBAT)とは、ゲノム全域のDNAメチル化状態を一塩基解像度で解明する全ゲノムバイサルファイトシーケンシング(WGBS)を高感度に行うために我々が開発したライブラリ作製法で、一細胞解析にも応用されています。通常30ngのゲノムDNAがあればPCRフリーで哺乳類ゲノムを30Xでカバーできますが、それよりも微量の場合でも対応致しますのでご相談下さい。

WGBSは、理想的なメチローム解析法ですが、相当のコストを要します。そこでターゲットエンリッチメントによって濃縮した領域に対する標的ゲノムバイサルファイトシーケンシング(TGBS)が試みられてきましたが、その感度に問題がありました。我々が開発したPBATによるTGBSは、従来の1/100量(30ng)からの解析やPCRフリーの解析も可能なので、希少サンプルの多検体比較に最適です。

## [技術の利用例]

- マウスやヒトの卵子・受精卵・始原生殖細胞等の極微量試料のWGBS解析
- 国際ヒトエピゲノムコンソーシアムにおける正常消化管上皮および子宮・胎盤由来細胞のWGBS解析
- iPS細胞由来分化細胞のWGBS解析
- 遺伝子改変・変異細胞およびマウスのWG/TGBS解析
- 腫瘍内多様性のWG/TGBS解析
- 先天性異常症のTGBS解析
- etc.

## 連絡先

[所属] 九州大学大学院医学研究院

[名前] 伊藤隆司

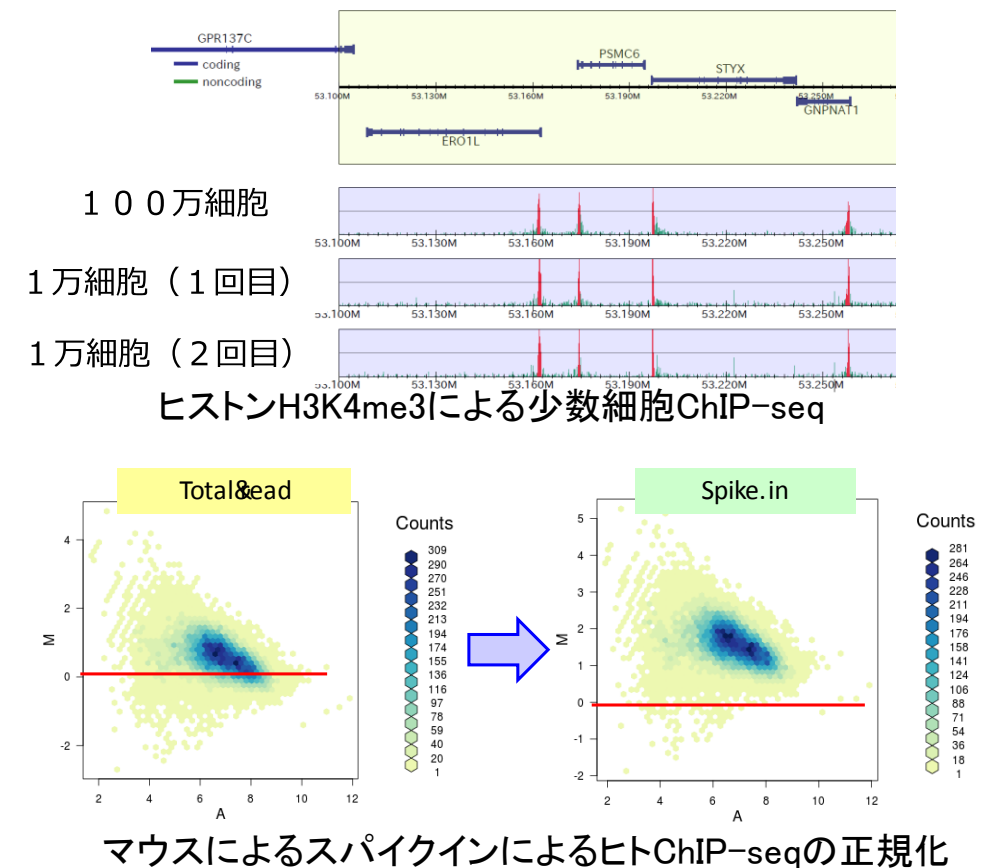
[E-mail] tito@med.kyushu-u.ac.jp

# ChIP-seq技術の微量化及び定量化

## [技術の概要]

- 微量化ChIP-seq解析(1万細胞)技術支援。
- 定量化ChIP-seq解析技術支援。
- 微量化対象:ヒストン修飾、RNAポリメラーゼに限定。
- 定量化:生物種、対象タンパクにより要相談。
- その他、ChIP-seqのトラブルシューティング。
- 東大分生研の設備一式、ChIP-seq解析パイプラインDROMPAAIIを使用。  
東工大の抗体リソースを使用。

## [技術の利用例]



## 連絡先

- [所属] 1. 東京大学分子細胞生物学研究所  
2. 東京工業大学生命理工学研究科

[名前] 白髭克彦<sup>1</sup>、木村 宏<sup>2</sup>

[E-mail] kshirahi@iam.u-tokyo.ac.jp  
hkimura@bio.titech.ac.jp