

課題名 (タイトル) :

ヒトゲノム上の全 SNP・遺伝子変異に対するジェノタイピング用プライマー・プローブ設計
のための検討

利用者氏名 : ○木村 恭将

所属 : ライフサイエンス技術基盤研究センター 機能性ゲノム解析部門

オミックス応用技術研究グループ 核酸診断技術開発ユニット

1. 本課題の研究の背景、目的、関係するプロジェクトとの関係

遺伝子型を検査して個人に応じた医療を行う個別化医療が進んで来ている。各遺伝子型と疾患の関係は今後も研究が必要な状況であるが、ヒトゲノム上の全 SNP 数 (約 6 千万個) は今後もほぼ変わらないと考えられる。本研究では、疾患と関連は未知である SNP も含め現在既知の全てのヒト SNP または遺伝子変異を検出できるプライマー・プローブを全て設計し、今後の SNP・遺伝子変異のジェノタイピングの研究に貢献することを目的とする。膨大な数のヒト全 SNP に対応するためにはスーパーコンピュータが必須であり、今回の簡易利用でその使用法や処理フローについて確認する。

2. 利用がなかった場合の理由

情報基盤センターとの共同研究の準備のための簡易利用であったが、共同研究が順調に進んだため、簡易利用によって計算の動作確認等をする必要が特に生じなかったために利用がなかった。