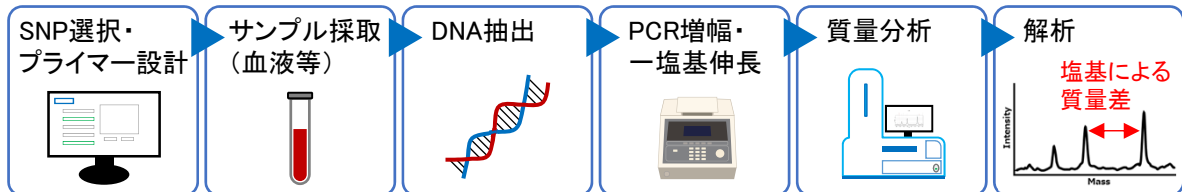


質量分析を利用した複数のSNP解析

マスアレイ法により、複数のSNP(一塩基多型)を同時に解析できます

概要

本手法は、MALDI-TOF-MSの質量分析を利用した遺伝子解析法であり、一度の測定で複数のSNP箇所の解析が可能です。最大40か所のSNPを、190サンプル同時に測定できます。分析全体の流れとしては下記フローに準じて実施します。標的のSNP領域の質量ピークが重ならず増幅するように設計したプライマーと、各SNP箇所の一塩基のみ伸長するように設計したプライマーを用いて、DNA断片に質量の違いを生じさせ、検出された質量ピークから塩基を決定します。



データ例

質量分析により得られたスペクトルデータ(図1)から、ヘテロ型(図2)・ホモ型(図3)を判別でき、標的SNP箇所の塩基を解析することができます(表1)。対立遺伝子が3つ以上ある場合や出現頻度の小さなSNPの解析も可能です。

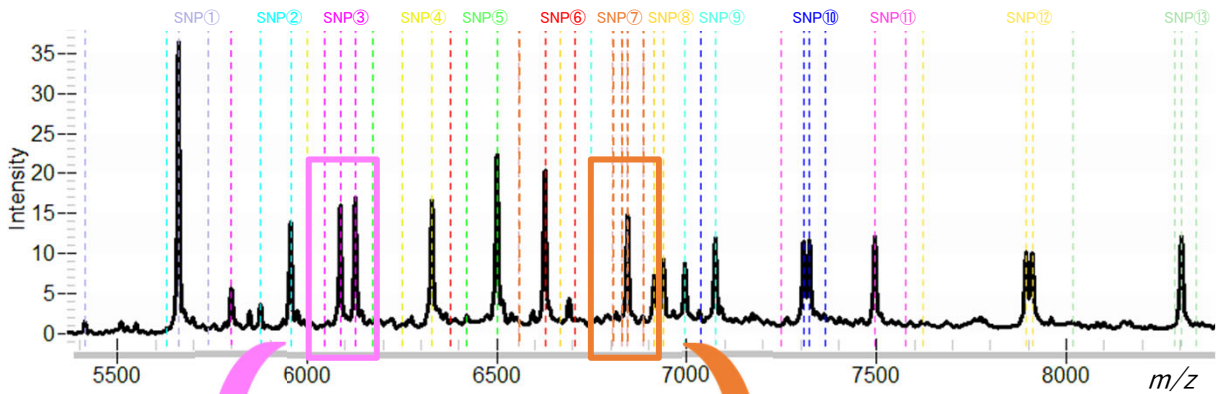


図1 標的SNPのスペクトルデータ

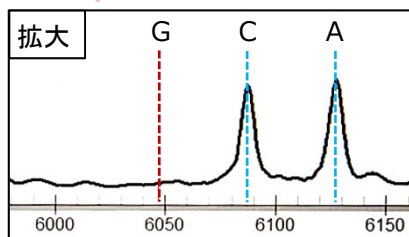


図2 標的SNP③のピーク付近の拡大図
2つの塩基「C」と「A」を検出
→ヘテロ型(父由来と母由来で異なる塩基)

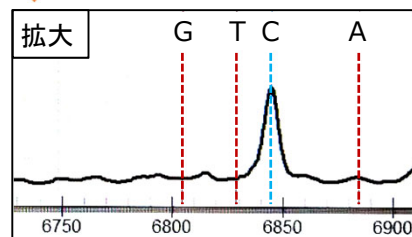


図3 標的SNP⑦のピーク付近の拡大図
1つの塩基「C」を検出
→ホモ型(父由来と母由来で同じ塩基)

表1 スペクトルをもとに決定した標的SNPの塩基

標的SNP	①	②	③	④	⑤	⑥	⑦	⑧	⑨	⑩	⑪	⑫	⑬
塩基	G	T	CA	A	T	C	C	CA	CT	CT	G	GA	C

分析サービスで、あなたの研究開発を強力サポート!