



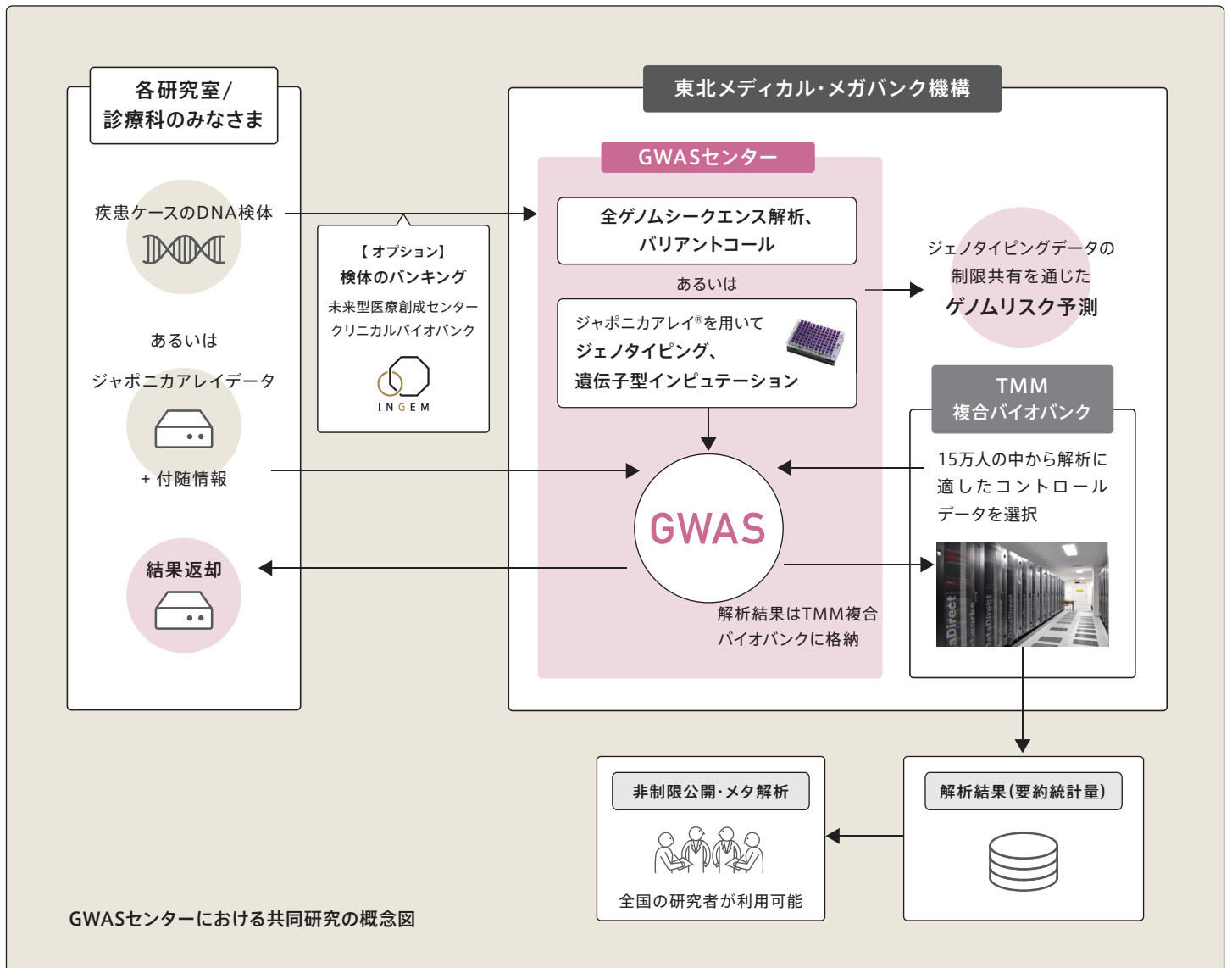
東北大学 東北メディカル・メガバンク機構

GWASセンター

共同研究を募集します



東北大学東北メディカル・メガバンク機構 (ToMMo) の研究基盤を他機関との連携を通じて利活用し、我が国のゲノム医療研究の推進に貢献することを目的として、2019年9月より機構内にGWASセンターを設置しました。成果の公開・共有を前提に共同研究を受け付け、全ゲノムシーケンス解析からバリエントコールまで、あるいはジャポニカアレイ®によるデータ取得から遺伝子型インピュテーション、GWAS 解析までをワンストップで実施いたします。また、適切な同意が得られていれば、ToMMoも参画する「未来型医療創成センター(INGEM)」で運営されている臨床バイオバンクにて検体のバンキングを行うことも可能です。合わせてご相談ください。



ToMMoは、「東北メディカル・メガバンク (TMM) 計画」におけるゲノムコホート研究、および複合バイオバンク構築を通じて、ゲノム医療の実現を目指しています。これまでに、TMM計画のコホート調査参加者を中心とした全ゲノム解析により、日本人の全ゲノムリファレンスパネル、基準ゲノム配列を構築・公開しました。また、日本人のゲノム情報取得に最適化したSNPアレイ (ジャポニカアレイ®) を開発、TMM計画参加者15万人のゲノム解析に活用して、大規模なコントロールデータを収集しています。これらの取り組みを通じて、ToMMoには解析基盤やデータが整備され、かつ、技術・ノウハウも蓄積されていることから、他機関との連携の中核として機能することが期待されています。

ジャポニカアレイ[®]解析

ジャポニカアレイ[®]NEO

ジャポニカアレイ[®]は、ToMMoで構築された全ゲノムリファレンスパネルをもとに設計された、日本人のゲノム解析を高精度、効率的かつ安価に実施することが可能なSNPアレイです。現在、当センターでは、2019年9月に上市したジャポニカアレイ[®]NEOを用いてジェノタイピングを実施しています。



ジャポニカアレイ[®]NEOには、疾患志向性アレイとして、日本人を対象にした研究成果にもとづく約2.8万の疾患関連SNPが搭載されています。また、3,552人の全ゲノム解析データにもとづく全ゲノムリファレンスパネル(3.5KJPNv2)から、世界の標準となっている連鎖不平衡統計量(r^2)にもとづき約65万のtag SNPを選抜、搭載することで、日本人ゲノムの遺伝子型インピュテーションに最適化されたSNPアレイとなっています。搭載マーカーの詳細は、下記jMorpウェブサイトでご確認いただけます。

● 搭載マーカーの検索・ダウンロード ; jMorp



● 目的遺伝子やSNVによる検索

Genome Variation

Search by rs#: rs671 GRCh37/hg19

1 variants found

Filter by keyword

Type	Position	Ref/Alt	rs#	Annotation	Gene	MeanDepth (162PE)	JPA	ClinVar Annotation	ToMMo
SNV	12:112241766	G/A	rs671	missense_variant (p.Glu504Lys)	ALDH2	18.0/18.0	V1&V2&NEO	drug_response	0.1976

GWAS要約統計量は、
GWAS で
公開の予定です。

● 全搭載マーカー、疾患関連マーカーリスト

Downloads

Genome Sequence | Genome Variation | Genome Accessibility | Genetic Map | Methylation & Transcriptome | Protein | Metabolite | Japonica Array | GWAS

Japonica Array

Japonica Array NEO (20191018) **Open Access**

- README
 - tomomo-jpa_neo-20191018-README.txt (519 bytes)
- Marker list
 - 20190614Axiom_TMMJPAv3.na35.r1.a2.annot.5item.csv.gz (6.51 MB)

Japonica Array NEO disease-related marker list (20200323) **Login&DTA Required**

- README
 - tomomo-jpa_neo_disease_related_marker_list-20200323-README.txt (2 KB)
- disease-related marker list of Japonica Array NEO with disease annotations
 - 20200323_tomomo-jpa_neo_disease_related_maker_list_r1.1.1.tsv.gz (1.80 MB)

ジャポニカアレイ[®]NEOを用いたジェノタイピングは、1プレート(96検体)単位で受け付けいたします。検体あたり、ゲノムDNA $\geq 1\mu\text{g}$ を必要とします。※DNA抽出は別途ご相談ください。

解析費用と期間：10プレート(960検体)の場合の目安

【費用】 ジェノタイピング～QC・遺伝子型インピュテーション～GWAS解析；合計約**890万円**

- ※ 事前手続きに係るコンサルティング費用、アレイ・試薬代、また情報解析作業料、スーパーコンピュータ利用料を含みます。
- ※ 東北大学以外の場合には、別途、間接経費が発生します。
- ※ 解析終了後のスーパーコンピュータの利用には、別途利用料が発生します。

【期間】 ・ジェノタイピングまで約**1.5か月**

・QC・遺伝子型インピュテーション～GWAS解析まで約**1か月**

- ※ 繁忙期はさらにお時間をいただきます。詳細はお問い合わせください。

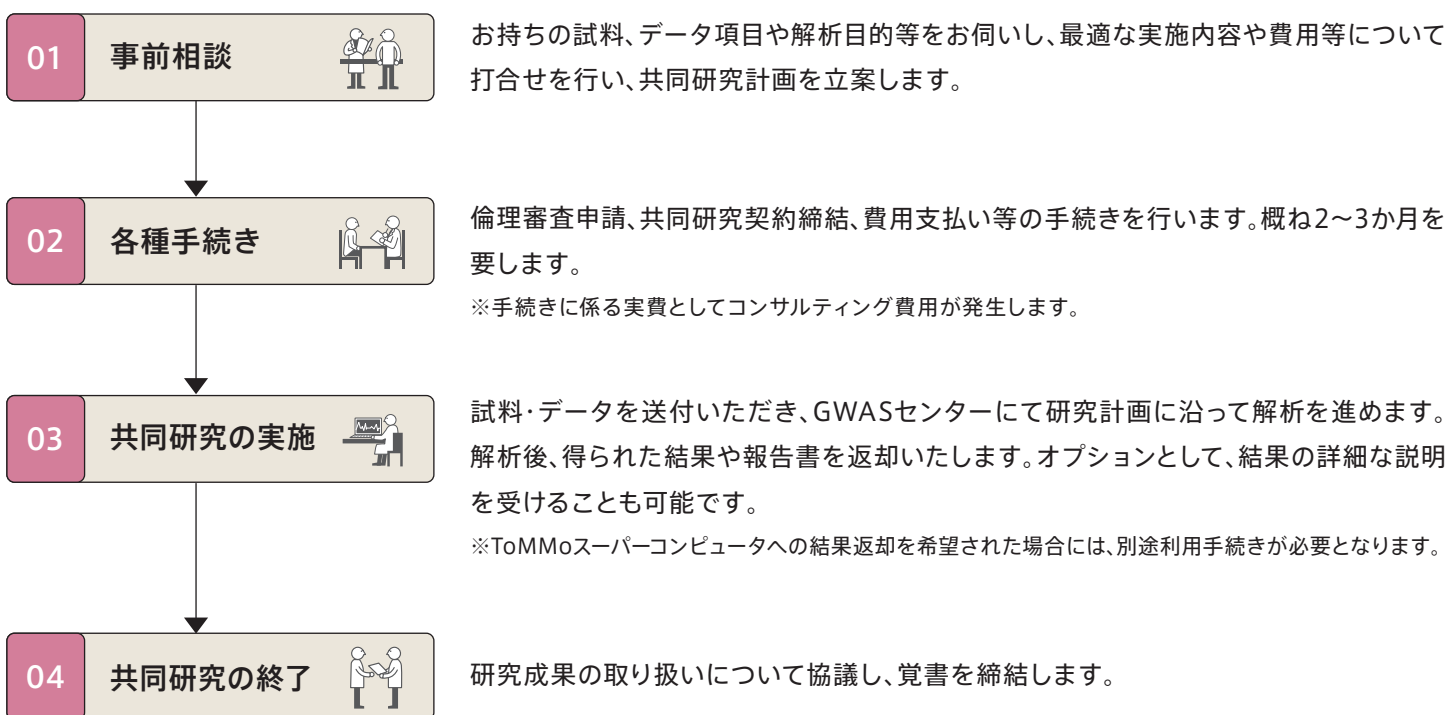
研究者の方々へ

どのような規模の検体・データを有する研究者でも、TMM計画の解析基盤や大規模データから得られるメリットを等しく享受いただきたいと考え、GWASセンターを設置いたしました。ToMMoの公的バイオバンクとしての役割をご理解いただき、要約統計量の公開やゲノムデータの制限共有等をいただける場合には、安価かつ高精度な解析が可能な当センターのご活用をご一考ください。

疾患検体をお持ちで全ゲノム解析やSNPアレイ解析を実施したい、あるいはすでにデータをお持ちで情報解析のみを希望している場合等でも柔軟に対応いたします。是非、お気軽にお問合せください！



共同研究の流れ



関連情報



東北メディカル・メガバンク機構の
ゲノム解析情報



ToMMo
スーパーコンピュータ



東北大学
未来型医療創成センター

お問い合わせ窓口

Eメール： info@gwas.megabank.tohoku.ac.jp

電話番号：022-273-6288 (9:00~16:30)

※お問合せは、なるべくEメールでお願いいたします。

東北大学 東北メディカル・メガバンク機構 GWASセンター

【センター長】田宮 元

【副センター長】勝岡 史城、櫻井 美佳