

## V. Appendix

### A. CpG アイランドの検索法

バイサルファイトシーケンス解析や MSP のプライマー設計には、まず、CpG アイランドの配列を入手する必要があります。ここでは、UCSC Genome Browser を利用した CpG アイランドの検索と配列取得の方法をご紹介します。

1. Position or search term にキーワードを入力して、submit ボタンをクリック。

<http://genome.ucsc.edu/cgi-bin/hgGateway>

Home Genomes Blat Tables Gene Sorter PCR Session FAQ Help

**Human (*Homo sapiens*) Genome Browser Gateway**

The UCSC Genome Browser was created by the [Genome Bioinformatics Group of UC Santa Cruz](#).  
Software Copyright (c) The Regents of the University of California. All rights reserved.

clade	genome	assembly	position or search term	image width	
Mammal	Human	Mar. 2006	CDH1	620	submit

[Click here to reset](#) the browser user interface settings to their defaults.

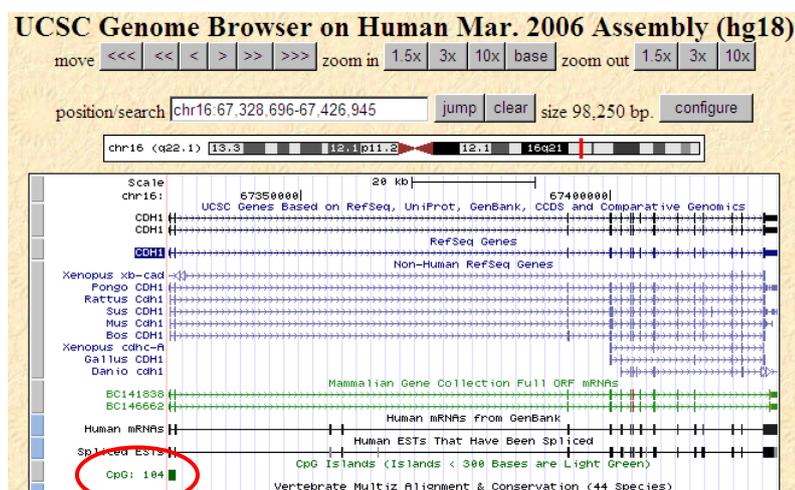
add custom tracks    configure tracks and display    clear position

2. 検索結果から目的の遺伝子を選択します。

**RefSeq Genes**

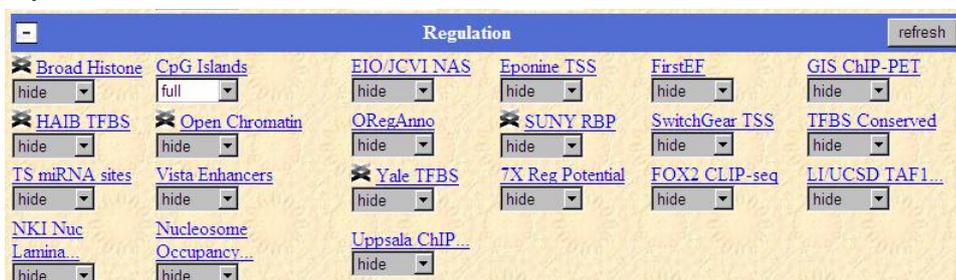
[CDH1 at chr16:67328696-67426945](#) - (NM\_004360) cadherin 1, type 1 preproprotein  
[CDH10 at chr5:24522967-24680666](#) - (NM\_006727) cadherin 10, type 2 preproprotein  
[CDH11 at chr16:63538184-63713420](#) - (NM\_001797) cadherin 11, type 2 preproprotein  
[CDH12 at chr5:21786731-22889488](#) - (NM\_004061) cadherin 12, type 2 preproprotein  
[CDH13 at chr16:81218079-82387700](#) - (NM\_001257) cadherin 13 preproprotein

3. 該当遺伝子のゲノム構造が表示され、CpG アイランドは緑で表示されます。



CpG アイランドが表示されない場合は？

UCSC Genome Browser では、表示内容の設定が可能です。上記画面の下にその設定を行う箇所がありますので、Regulation 中の”CpG Islands”の項目で”full”を選択し、refresh ボタンをクリックして下さい。



4. 緑で表示された CpG アイランドをクリックすると、その情報が表示されます。
5. ”View DNA for this feature”のリンクをクリックすると、配列情報を取得する画面が表示されます。
6. ”get DNA”ボタンをクリックして配列情報を表示させます。

**CpG Island Info**

**CpG Island Info**

Position: [chr16:67328536-67329845](#)  
 Band: 16q22.1  
 Genomic Size: 1310  
[View DNA for this feature](#)  
 Size: 1310  
 CpG count: 104  
 C count plus G count: 857  
 Percentage CpG: 15.9%  
 Percentage C or G: 65.4%  
 Ratio of observed to expected CpG: 0.76

[View table schema](#)

[Go to CpG Islands track controls](#)

Data last updated: 2005-12-14

**Get DNA in Window**

**Get DNA for**

Position:

Note: if you would prefer to get DNA for more than one feature of this track at a time, try the [I](#) sequence.

**Sequence Retrieval Region Options:**

Add  extra bases upstream (5') and  extra downstream (3')

Note: if a feature is close to the beginning or end of a chromosome and upstream/downstream base order to avoid extending past the edge of the chromosome.

**Sequence Formatting Options:**

All upper case.  
 All lower case.  
 Mask repeats:  to lower case  to N  
 Reverse complement (get '-' strand sequence)

Note: The "Mask repeats" option applies only to "get DNA", not to "extended case/color options".