

高解像度ヒトゲノムDNA定量的解析システム

(札幌医科大学医学部附属がん研究所分子生物学部門 教授 時野隆至 email: tokino@sapmed.ac.jp)

大部分のがんや一部の染色体起因性疾患では、染色体ゲノムの量的異常(コピー数変化)を呈している。このため、我々は高解像度かつ高精度にゲノムDNAを定量解析するシステムである デジタルゲノムスキャンニング法 (DGS; Digital Genome Scanning) を開発し、がんおよび染色体起因性疾患のゲノム研究に応用している。

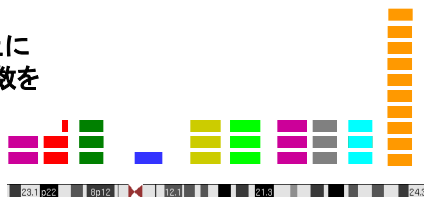
デジタル ゲノム スキャンニング法による、 コピー数異常を示すゲノム領域の同定、および解析プロセス

ヒトに限らず対象とする生物種のゲノム配列情報が公開されていれば、デジタルゲノムスキャンニング法によってゲノムコピー数の変化を網羅的に解析することが可能です。マイクロアレイなどの特殊な装置、材料は不要です。

制限酵素処理により、短いゲノムDNA断片を回収し、塩基配列解析

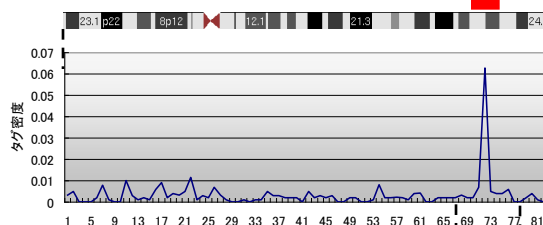


断片をゲノム上にマップし、断片数を集計

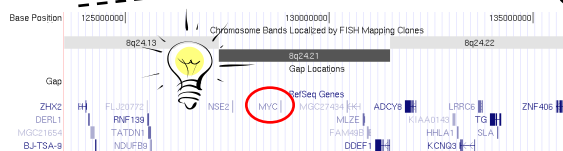
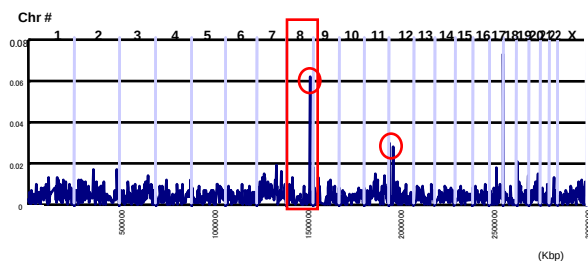


増幅領域のゲノムマップから、疾患関連遺伝子を同定する。(本法により胃癌細胞株の8番染色体におけるmyc癌遺伝子の増幅の検出に成功)

増幅領域



全ゲノムの断片密度解析により、染色体上の増幅や欠失領域を検出



- ・染色体起因性疾患やがんの発症機序の解明、
- ・新しい診断法や治療薬の開発

本技術に関する知的財産権
国内出願番号: 特願2005-11242
国際出願番号: PCT/JP2006/306012