

# 32 リファレンス情報を必要としない高感度網羅的遺伝子発現プロファイル法(HiCEP法)

網羅的遺伝子発現解析法：High coverage expression profiling (HiCEP)法は、細胞や組織間の遺伝子発現(mRNA分子の量)の差を網羅的に測定する方法です。ゲノムや転写産物の情報に依存しないため、全ての生物で実施可能であるとともに、未知転写物の解析も可能です。

## シーズの特徴 (成果含む)

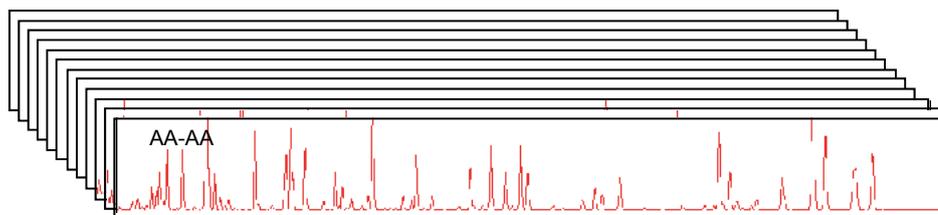


図1：キャピラリー電気泳動による波形データとしてデータを取得

mRNAを2本鎖DNAとした後、制限酵素による切断後両端にアダプターを配したライブラリを作製。512通りのPCRを行い、キャピラリーシーケンサーにより分離することにより、約30000種類(ヒト・マウス)の転写物の測定を可能にした。

再現性が極めて高いため、微小な差が検出可能である。

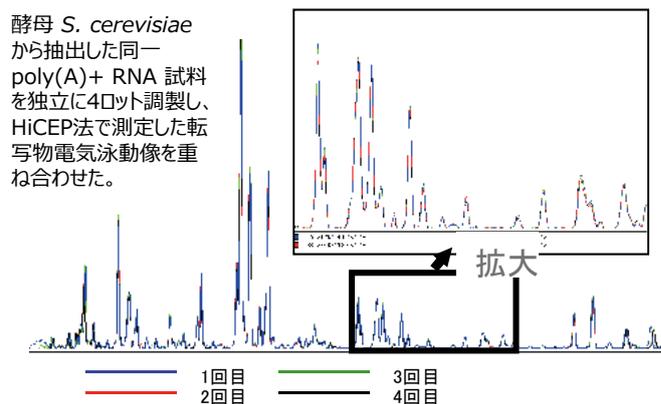


図2：高い再現性を示す

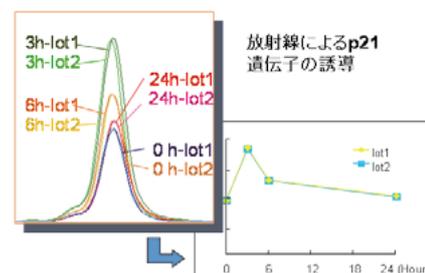


図3：微小な変化を検出できる定量性

○高感度な網羅的遺伝子発現解析法を確立した。  
全ての生物に適用可能なため、環境モニタリング等への応用も期待できる。

### アウトカム

網羅的転写産物の発現解析を必要とする研究テーマで利用される。

### アウトカムに至る段階

・実用化段階(基本特許は実施済)

### 連携希望企業

バイオ関連企業、環境試料分析企業、製薬企業等

### 知財等関連情報

登録番号：4217780  
※本特許は、基本特許の関連特許であり説明内容は基本特許の内容である。

### 担当者

量子医学・医療部門  
放射線医学総合研究所放射線障害治療研究部  
安倍 真澄

本シーズの問合せ先：量子医学・医療部門研究企画部(nirs-kikaku-u@qst.go.jp)

医療とバイオ技術