

酵母を用いたヒト遺伝子変異の 効率的診断システムの構築と その実用化のための試作

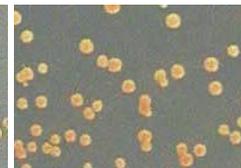
企業 / 株式会社フロンティア・サイエンス

研究者 / 多田光宏（北海道大学遺伝子病制御研究所癌関連遺伝子分野助教授）

ヒトの癌や遺伝性疾患の原因である遺伝子変異の診断は時間と費用を要し、これまでは断片的にしか行われてこなかった。本モデル化では申請者らの出芽酵母を用いる遺伝子診断技術をベースに包括的ビジネスとして展開可能なヒト遺伝子変異の効率的診断システム構築を目指した。従来の報告（ストップ・コドン・アッセイ法）では特定の遺伝子の変異しか検出できなかったのに対し、今回使用したユニバーサル・ストップ・コドン・アッセイ法は、一連の作業を流れ作業化し、任意の遺伝子への対応を可能とするものである。また、ユニバーサル・ストップ・コドン・アッセイ法は遺伝子変異の有無をコロニーの赤・白の色で判別するため、診断者の熟練度によらず変異を判定する事が可能であり、同時にコロニーの赤・白の色の割合で変異がホモかヘテロかも判定する事が可能である。本モデル化ではこのユニバーサル・ストップ・コドン・アッセイ法を用いてヒト遺伝子変異の効率的診断システムの構築とその実用化をおこなうため、目的遺伝子の増幅方法の検討、結果や効率に人的要因が入らないアルゴリズム及び診断システムの確立、適正な個人情報及び遺伝子情報の管理方法の検討・評価を行った。今後は依頼を受けてから解析終了までに要する時間を短縮し、人件費に関わるコストを下げするために目的遺伝子の情報をより迅速に入手、解析するための方法やより効率的に目的遺伝子を増幅するための方法の検討、及びより効率的な運用を行うためのアルゴリズムの改良を行うことにより、従来の方法より低価格な遺伝子変異診断方法を確立し受託に結び付けていきたい。



ヘテロタイプ



ホモタイプ



野生型遺伝子