

高解像度遺伝子発現解析法(HiCEP)による 多検体比較解析システムの開発

企 業 / メッセンジャー・スケープ株式会社

研究者 / 齋藤 俊行 (放射線医学総合研究所
先端遺伝子発現研究センター)



▲図：試作ソフトインストールPC

疾患の早期診断や個別化医療を実現するためには、それぞれの
目的に応じたバイオマーカーの開発が重要なテーマとなっている。多数のサンプルについて細胞内 mRNA 発現情報を網羅的に測定し、比較、解析することは、バイオマーカー開発の基本的手法の一つであるが、本モデル化では、網羅性・再現性・信頼性に優れた転写物発現解析技術 HiCEP で測定された発現プロファイルより得られる転写物ピークデータ、波形データをもとに、これらを統計処理、データマイニングすることで、多検体でマーカー候補転写物を効率良く抽出するソフトウェアを試作した。この結果、DNA マイクロアレイ等の手法では実現出来なかった高い測定精度と感度・信頼性で、迅速にマーカー候補転写物をスクリーニングすることが可能となった。