

様式 C-7-1

平成19年度科学研究費補助金実績報告書（研究実績報告書）

1. 機関番号	3 2 6 9 2	2. 研究機関名	東京工科大学																													
3. 研究種目名	若手研究(B)		4. 研究期間	平成18年度～平成20年度																												
5. 課題番号	1 8 7 5 0 0 6 6																															
6. 研究課題名	分子認識能を持つDNAを利用した遺伝子多型の組合せ解析法の開発																															
7. 研究代表者	<table border="1"> <tr> <th>研究者番号</th> <th>研究代表者名</th> <th>所属部局名</th> <th>職名</th> </tr> <tr> <td>0 0 3 6 7 1 9 5</td> <td>フリガナ カトウ, テル 加藤, 輝</td> <td>バイオニクス学部</td> <td>講師</td> </tr> </table>				研究者番号	研究代表者名	所属部局名	職名	0 0 3 6 7 1 9 5	フリガナ カトウ, テル 加藤, 輝	バイオニクス学部	講師																				
研究者番号	研究代表者名	所属部局名	職名																													
0 0 3 6 7 1 9 5	フリガナ カトウ, テル 加藤, 輝	バイオニクス学部	講師																													
8. 研究分担者(所属研究機関名については、研究代表者の所属研究機関と異なる場合のみ記入すること。)	<table border="1"> <tr> <th>研究者番号</th> <th>研究分担者名</th> <th>所属研究機関名・部局名</th> <th>職名</th> </tr> <tr> <td></td> <td>フリガナ</td> <td></td> <td></td> </tr> </table>				研究者番号	研究分担者名	所属研究機関名・部局名	職名		フリガナ				フリガナ				フリガナ				フリガナ				フリガナ				フリガナ		
研究者番号	研究分担者名	所属研究機関名・部局名	職名																													
	フリガナ																															
	フリガナ																															
	フリガナ																															
	フリガナ																															
	フリガナ																															
	フリガナ																															

9. 研究実績の概要(国立情報学研究所でデータベース化するため、600字～800字で記入。図、グラフ等は記載しないこと。)
 下欄には、当該年度に実施した研究の成果について、その具体的な内容、意義、重要性等を、
 交付申請書に記載した「研究の目的」、「研究実施計画」に照らし、600字～800字で、できる
 だけ分かりやすく記述すること。また、国立情報学研究所でデータベース化するため、図、グラフ等
 は記載しないこと。

本解析法の基本操作を確立するために、以下の2点について検討した。

1. 18年度までにコール酸を固定化したアフィニティーカラムを用いて、化学合成した鎖長20塩基の標的1本鎖DNAの効率的な回収法を構築した。本年度は分子内に2箇所のSNPを持つ鎖長110塩基のDNA断片を一方のSNPの違いに基づいて分離する方法を検討した。具体的には、110塩基のDNA断片の一方のSNPがTWJの分岐点上に位置するように設計された蛍光標識DNAプローブをDNA断片と結合させてTWJを形成させた後、コール酸固定化アフィニティーカラムにDNA断片を注入し、コール酸を含む緩衝液でDNA断片を溶出させた。

2. ヒトのDNAサンプルを用いて標的配列とDNAプローブを対合させ、TWJを形成させるためには、標的2本鎖DNAを部分的に解離させなければならない。このために最適なDNAプローブの長さや濃度、熱変性の条件、塩濃度などを検討した。上記1で確立した標的DNAの回収法を用いて、2箇所のSNPを持つ2種類の2本鎖DNAの混合物から、ひとつのSNPの違いに基づき一方の2本鎖DNAを分離する方法を検討したが、分離可能な条件は見出せなかった。善後策として、標的配列を非対称PCRで増幅して、1本鎖標的DNAを調製し、上記1の条件で、ひとつのSNPの違いに基づき一方の1本鎖DNAを分離することに成功した。また、分離後の標的1本鎖DNAをDNAシーケンサーで配列解読することにより、ハプロタイプの解析が可能であることを確認した。

※ 成果の公表を見合わせる必要がある場合は、その理由及び差し控え期間等を記入した調書(A4判縦長横書1枚)を添付すること。

10. キーワード

(1) 遺伝子	(2) 核酸	(3) 臨床検査
(4) ハプロタイプ	(5) 遺伝子多型	(6) 一塩基多型
(7) SNPs	(8)	(裏面に続く)

11.研究発表（平成19年度の研究成果）

〔雑誌論文〕計（ 1 ）件

著者名	論文標題			
Teru Kato	SNPs typing based on the formation of fluorescent signaling DNA aptamers which bind to bile acids.			
雑誌名	査読の有無	巻	発行年	最初と最後の頁
Nucleic Acids Symposium Series	有	51	2101017	97-98

著者名	論文標題			
雑誌名	査読の有無	巻	発行年	最初と最後の頁
			111	

著者名	論文標題			
雑誌名	査読の有無	巻	発行年	最初と最後の頁
			111	

〔学会発表〕計（ 1 ）件

発表者名	発表標題			
加藤輝	DNAの分岐構造を利用した直接的ハプロタイプ解析法の開発			
学会等名	発表年月日	発表場所		
第30回日本分子生物学会年会	2007年12月13日	パシフィコ横浜		

〔図書〕計（ ）件

著者名	出版社		
書名	発行年	総ページ数	111

12.研究成果による産業財産権の出願・取得状況

〔出願〕計（ ）件

産業財産権の名称	発明者	権利者	産業財産権の種類、番号	出願年月日	国内・外国の別

〔取得〕計（ ）件

産業財産権の名称	発明者	権利者	産業財産権の種類、番号	取得年月日	国内・外国の別

13.備考

※ 研究者又は所属研究機関が作成した研究内容又は研究成果に関するw e b ページがある場合は、U R Lを記載すること。

--