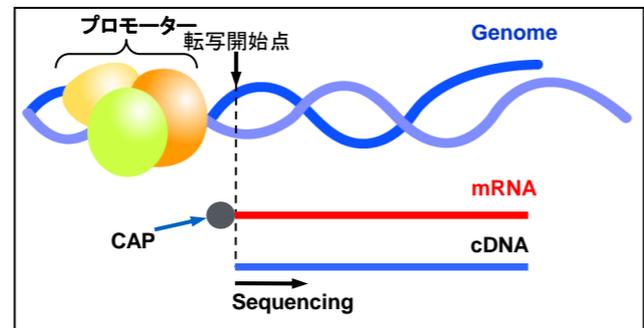


# 微量転写開始点解析技術 (CAGE)

## [技術の概要]

- 何が分かるのか:ゲノム上のエンハンサーやプロモーターの位置と活性、転写開始点毎の転写産物発現量を測定できます。このデータからガンや疾患特異的プロモーターを見つけることができます。また、薬物標的タンパク質の同定など疾患、創薬研究の様々な分野へ応用出来ます。
- 原理:total RNAの中から5'末端にCap構造を有するRNAのみを取り出してシーケンスを読み、得られた配列をゲノム上に配置することで位置を、配置された配列の数から発現量を測ります。この方法をCap Analysis of Gene Expressionの頭文字を取ってCAGE法といいます。
- 解説:この方法でタンパク質をコードするmRNA以外にも、5'末端にCap構造を持つRNAが数多く発見され非コード(nc)RNAと呼ばれています。今では、mRNAよりncRNAの方が種類が多くなりました。国際ポストゲノムプロジェクトENCODEやFANTOMで採用され成果を挙げています。

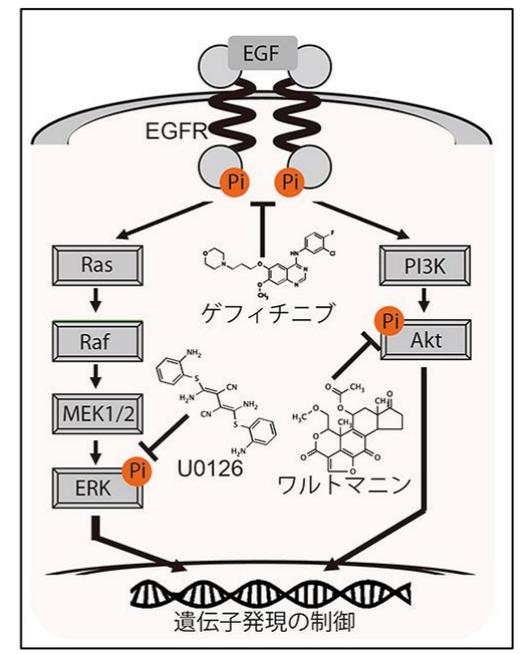
CAGE法の概念図



## [技術の利用例]

- CAGE法を使った定量的プロモータ活性測定による薬物標的研究の例。

CAGE法とマイクロアレイで薬剤投与前後の転写産物を解析。マイクロアレイでは見つけることが出来なかった薬物毎の情報伝達経路障害部位を同定することが出来た。



Kazuhiro Kajiyama, Mariko Okada-Hatakeyama, Yoshihide Hayashizaki, Hideya Kawaji, Harukazu Suzuki. "Capturing drug responses by quantitative promoter activity profiling." CPT Pharmacometrics and Systems Pharmacology, 2013, doi: 10.1038/psp.2013.53

## 連絡先

[所属] 理化学研究所

[名前] 近藤直人

[E-mail] pdis.genome\_analysis@riken.jp