

NUBIC知的財産情報開示

開示日： 2007年08月10日

各位

NUBIC知的財産情報の要約をお届けいたします。
尚、NUBICベンチャークラブ特別会員、一般会員にはすでにお知らせしています。

	NUBIC管理番号: <input type="text" value="2007000002"/>	整理番号 <input type="text" value="11083"/>	担当者 <input type="text" value="千葉 宏治"/>
表 題	核酸クローニング法		
技術分野	<input type="text" value="食品・バイオ"/>	<input type="text"/>	<input type="text"/>
適用製品	核酸クローニング用キット		
目 的	アダプターPCRとベクターライゲーションの組み合わせによる特定の遺伝子周辺の染色 体地図を迅速に決定するシステムを提供する。		
技術概要	特定の遺伝子周辺の配列を決定する染色体歩行法を簡易的に行う方法にアダプターPCRがある。しか し、これまでのアダプターPCRでは、特殊な末端のアダプターを高い効率でライゲーションすることや、ある 程度のノイズバンドが出現することを前提に行うことが多く、必ずしも効率が良くないことが難点とされてき た。これを克服するため、本発明では制限酵素、例えば、EcoRI切断部位をもつ約40塩基対からなるア ダプターを、EcoRI消化した目的配列を含むDNAにライゲーションする。これを鋳型として、アダプターおよ び、目的の配列中に設計したプライマーによってデオキシアデニンを付加しないポリメラーゼを用いてPCR を行う。次に、PCR増幅断片をEcoRIで再度消化すると、その両末端は平滑末端及び、EcoRI消化末端と なる。これを平滑末端化酵素および、EcoRIで消化したベクターにライゲーションし、大腸菌にトランス フォームした後、薬剤選抜することによって該当するクローンを特定する。このように、アダプターPCRの改 良とベクターへのクローニングを組み合わせることにより、従来法に比べてはるかに効率よく、目的の遺伝 子配列を得ることができる。		

技術移転等をご希望の場合は、下記事項をご記入の上、本用紙にてお申込みください。

(FAX, e-mail, 郵送いずれでも可。)

各担当コーディネーターからご連絡を差し上げます。

面談希望日時	<input type="text"/>		
(ふりがな) 氏 名	<input type="text"/>		
会社名	<input type="text"/>		
所 属	<input type="text"/>	役職	<input type="text"/>
電話番号	<input type="text"/>	FAX番号	<input type="text"/>
E-mail	<input type="text"/>		
連絡事項	<input type="text"/>		



【申込み・問い合わせ先】

日本大学産官学連携知財センター(NUBIC)

〒102-8275 東京都千代田区九段南4-8-24 日本大学会館

TEL:03-5275-8139 FAX:03-5275-8328 E-mail:nubic@nihon-u.ac.jp