

# リアルタイムPCRによる 遺伝子発現定量解析



目的とする遺伝子配列をポリメラーゼ連鎖反応(PCR)で増幅し、その様子をリアルタイムで測定することにより、相対的に定量します。

## 1. 試料および方法

ニホンウナギ脂肪前駆細胞3株(A、B、C)を、脂肪酸を添加した培地または添加しない培地で培養し、それぞれからRNAを抽出し、逆転写(RT)反応によりcDNAを合成しました。

脂肪代謝に関与するperoxisome proliferator-activated receptor  $\gamma$  (PPAR $\gamma$ ) 遺伝子の発現を定量するために、リアルタイムPCRを行いました。

## 2. 結果

PCR反応前の鋳型DNA量が多いほど、PCRの増幅が早く検出されます(図1)。Glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase (GAPDH) 遺伝子を内在性コントロールとして PPAR $\gamma$  遺伝子発現量を相対定量した結果、細胞株による差があることや、C株では脂肪酸添加により増加することなどがわかりました(図2)。

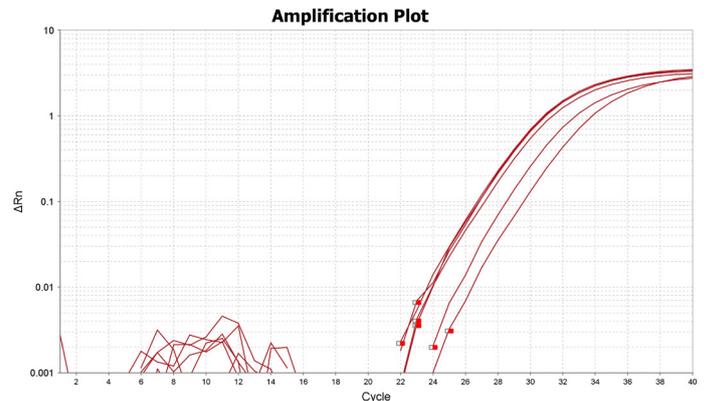


図1 PCR 増幅曲線

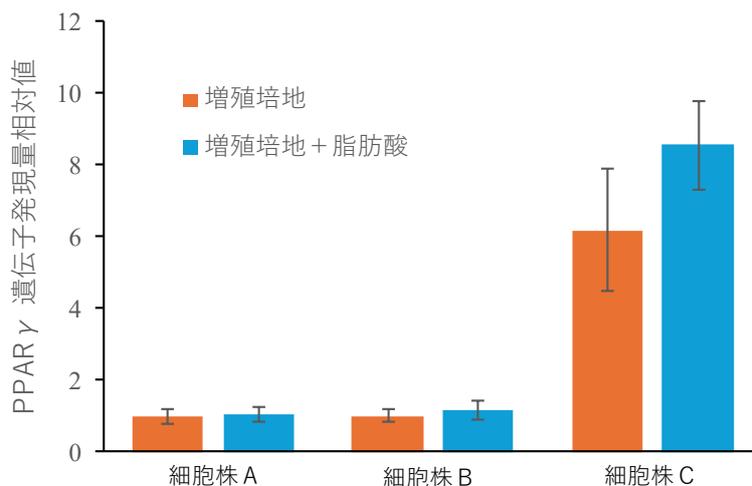


図2 PPAR  $\gamma$  遺伝子発現量の変化

リアルタイムPCRによる遺伝子発現定量解析は、受託研究またはオーダーメイド型技術支援で実施しています。お気軽にお問い合わせください。