

新型多向標示終端序列配對法以及它在偵測重組基因上的應用

本院覽號

28A-1000208

公告日期

智財權狀態

美國臨時案已申請、美國US 8829172 B2已獲證

摘要

條碼終端序列配對法(barcode Paired-End Ditag, or bPED)是為超通量定序 (ultra high throughput (UHTP) sequencing)而設計的。超通量定序已逐漸成為現代用以研究基因調控的DNA定序的過程中一個必備要素。多個bPED 資料庫 (library) 無是用來研究基因表達，轉因子附著點或表基因修飾的資料庫-可以合併成為一個多向性條碼終端序列配對資料庫(mbPED library)。因此，一個mbPED 可以當做單一的資料庫來處理，這種使用bPED/mbPED 的策略不但把定序的開支與時間減半，還可低實驗誤差。而且，我們的mbPED 技術可以使用於任何一種定序機，也就是，它可以用在SOLiD、Soles4或454的任何機型，我們相信這項技術可以對實驗設計與方法產生革命性的影響。

技術優勢

定序開支與所需時間可以減半。可應用於任何一種機型，不是Solexa、SOLiD或是454。實驗步驟比其他條碼標示技術更為簡化。多個bPED 資料庫可以合併起來，成為單一個大型資料庫(master library)。可以顯著降低技術上所可能造成的誤差，因此得以提高實驗的可靠性以及複現性，因為多個資料庫可合併為一，統一來處理。不同型態(或目的)的序列資料庫(例如，轉體資料庫、微核糖核酸(miRNA)資料庫，轉因子附著點資料庫，以及表基因體資料庫)可以混合在一起形成一個多向性條碼終端序列配對資料庫(mbPED)。此mbPED可當作一個資料庫來處理。這方法可能全面改革我們做實驗的方式。

應用範圍

這項技術的使用域包括定序機的製造商(例如，Applied Biosystems、Illumina 以及Roche)、提供定序服務的公司、以及使用定序作為生物學研究的實驗室。

創作人

邱國平、周頤、陳聖中



中央研究院
ACADEMIA SINICA