

授与機関名 順天堂大学

学位記番号 甲第 2133 号

Non-specific peaks generated by animal DNA during human STR analysis: peak characteristics and a novel analysis method for mixed human/animal samples

(ヒト個人識別 STR 型検査における動物 DNA による非特異ピーク：ピークの特徴とヒト動物混合試料における新規分析法)

井口 奨太 (いのくち しょうた)

博士 (医学)

論文内容の要旨

法医学領域で行われるヒト個人識別のための Short Tandem Repeat (STR) 型検査では、しばしばヒト以外の DNA によって非特異産物が観察される。ヒト個人識別を行う鑑定試料は、事件の経緯や環境によって動物の DNA によって汚染されていることがある。先行研究では、STR 型検査において、いくつかの種の動物 DNA が性別判定用マーカーであるアメロゲニンピーク付近にすべて同じ増幅産物長の非特異ピークを生成させることが報告されている。本研究では、最初に、動物 DNA から生成された非特異ピークは STR 型検査キット中のアメロゲニンプライマーで増幅され、少なくとも動物の科レベルで塩基配列が異なることを明らかにした。しかしながら、ヒトと動物の DNA が混合している場合、鑑定試料は極めて微量であるため、STR 型検査と動物由来 DNA の解析を同時に行うことは難しい。この問題を克服するために、STR 型検査で観察される非特異ピークを用いて、鑑定試料に混在する動物 DNA の種族を同定する新規な分析方法（ブロック PCR 法）を開発した。本法は、STR 型検査における PCR 産物の残余を使用し、ヒトアメロゲニンに特異的に結合するオリゴヌクレオチドプローブを用いて、非標的であるヒトアメロゲニン DNA の再増幅をブロックすることにより、動物 DNA のみを選択的に再増幅させ、非特異ピークの塩基配列を可能にした。本研究により、極めて微量な法医学的試料からヒト個人識別と混在動物種識別を同時に行うことが可能となり、より多くの情報を得ることができるようになった。