

第二研究会のお知らせ

次世代DNAシーケンサーの感染症への応用

飯田 哲也 先生

大阪大学微生物病研究所 感染症国際研究センター ゲノム病原細菌学

日時 平成25年3月1日 (金)

15:00~17:00

場所 日本生物科学研究所 管理棟 会議室2・3

要旨

近年、DNA配列決定技術の進歩は著しい。2006年より市販が開始されたいわゆる「次世代DNAシーケンサー」は、半日で数億塩基対以上のDNA配列を解読する性能を有している。特筆すべきことは、その後も毎年のように新しい機種が現れ、DNAシーケンス能力が飛躍的に向上していることである。このような、従来のものに比べて格段の性能をもつシーケンサーの出現は、医学・生物学研究に革新的なインパクトをもたらしつつある。特に病原体の研究においては、従来、大きなコストと多大な手間を要した微生物のゲノム解析がごく短時間に比較的安価で行えるようになり、ひいては新興・再興感染症の病原体の同定や薬剤耐性菌の耐性獲得機構の解明など、感染症対策につながる有用な知見をより迅速に入手することが可能になると期待される。

我々は、次世代DNAシーケンサーを用いたメタゲノム解析の感染症領域への応用、特に臨床検体からの病原体検出を試みてきている。感染症が疑われる患者の臨床検体から核酸（DNAもしくはRNA）を抽出し、高速シーケンサーで検体中に含まれる遺伝子を探索、その中に候補となりうる病原体のゲノム配列が存在しているかどうかを調べるという方法である。本法により我々は、様々な臨床検体から（想定外のものを含む）病原体の直接検出が可能であることを示してきた。このようなアプローチを「メタゲノミック診断」と

呼ぶことができる。従来の病原体検出法のほとんどは個々の病原体を標的としたものであり、そのため臨床の場合において想定される多種類の病原体に対応し検査の種類も多岐にわたることが多かった。メタゲノミックなアプローチは原理的に病原体の種類にこだわらない網羅的な検出・診断法であり、多様な病原体を単一のプロトコールで検出できる可能性がある。また、増殖が遅い、あるいは培養が難しいような病原菌の検出にも威力を発揮しうるし、さらに、病態に複数の病原体が関与する、いわゆる重感染の検出・解析も可能になると思われる。

DNA配列決定技術は今後もさらに進歩しつづけると考えられる。近い将来には現在出ている次世代シーケンサーに比べ、コストの点でもスピードでも格段に上回る機械が出てくるであろう。そのようなハイパフォーマンスなシーケンサーが普及すれば、現在は多種多様な培地や試薬、PCRプライマーなどを用いて複雑なプロトコールで行われている微生物の検出や同定、性状解析の多くが、DNAシーケンサーによる迅速ゲノム解析に取って代わられる可能性がある。今後注目していくべきテクノロジーであると言えよう。



主催

一般財団法人 日本生物科学研究所

<http://nibs.lin.gr.jp/>