

琉球大学学術リポジトリ

[機関紹介]OIST DNA シーケンシングセクション (SQC) の紹介

メタデータ	言語: 出版者: 南方資源利用技術研究会 公開日: 2019-08-08 キーワード (Ja): キーワード (En): 作成者: 新垣, 奈々, Arakaki, Nana メールアドレス: 所属:
URL	http://hdl.handle.net/20.500.12000/0002017064

OIST DNA シーケンシングセクション (SQC) の紹介

新垣 奈々

沖縄科学技術大学院大学 DNA シーケンシングセクション

Introduction of DNA Sequencing Section in OIST

Nana ARAKAKI

DNA Sequencing Section, Okinawa Institute of Science and Technology

この度は機関紹介の貴重な機会を頂きありがとうございます。我々 DNA シーケンシングセクション (愛称 SQC) について紹介させていただきます。

1. OIST 理念

我々の母体である OIST は、Okinawa Institute of Science and Technology (和名：沖縄科学技術大学院大学) の頭文字を取って「オイスト」と呼ばれています。5 年一貫制の博士課程を置く大学院大学として、2012年に恩納村に開学しました。昨今の新聞やニュースなどご存知の方も多いのではないかと思います。OIST は沖縄振興特別措置法に基づく沖縄振興計画のメインプロジェクトの 1 つに位置づけられており、「沖縄において国際的に卓越した科学技術に関する教育研究を行うことにより、沖縄の自立的発展と、世界の科学技術の向上に寄与する」という理念のもとで運営されています。

2. SQC 紹介

我々 DNA シーケンシングセクションは学内で SQC という愛称で呼ばれています (本文末の組織図参照)。2010年に次世代シーケンサーとその周辺技術を利用して主に学内の研究をサポートする目的で、メンバー 3 名と次世代シーケンサー 3 台の体制で設置されました。現在はメンバー 6 名、シーケンサー 5 機種 8 台 (Roche 454 FLX+, Illumina HiSeq2500, Illumina GAIIx, Illumina MiSeq, LifeTech IonProton) まで拡大しています。

立ち上げからわずか 3 年間での拡大ぶりからもわかるように、次世代シーケンサーは技術開発のスピードが速い機器で、既に次世代ではなく現世代シーケンサーと呼ぶにふさわしいほどの存在になりつつあります。SQC はこれらの技術開発のスピードに飲み込まれず、逆に飲み込むくらいの勢いでうまく活用し成果につなげよう！という気概を持った人間の集まりでもあり、「ゲノム解析」という立ち位置から OIST 理念を全うすべく日々仕事に励んでいます。

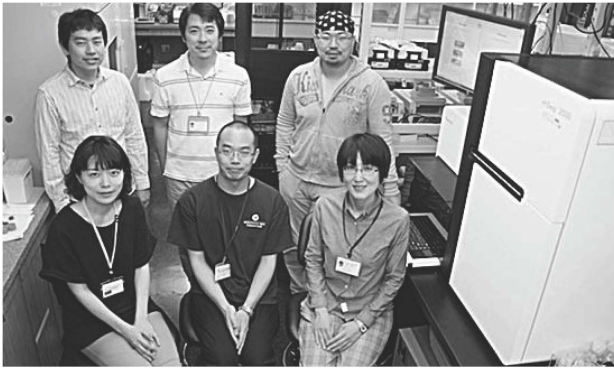


図1 SQCメンバー（後列左から山崎・後藤・藤江、前列左から新垣・小柳・結城）とIllumina HiSeq2500

3. ゲノム解析の歴史

ゲノム解析と言えば、我々人間の全ゲノム配列が2000年に決定されたことがよく知られていますが、当時のゲノム配列決定は旧世代シーケンサー（Sanger 法利用のキャピラリーシーケンサー）を用いて世界中を巻き込んだ人海戦術で解析が進められました。それゆえゲノム論文の著者は100人を超えるものも少なくありませんでした。

その後、2005年頃から新しい原理に基づく次世代シーケンサーの技術が発表され、2008年前後から実用化段階に突入すると旧世代シーケンサーと比較して数千から数万倍もの圧倒的なデータ量の産出を実現しました。次世代シーケンサーの出現はこれまでできなかった領域の解析を可能にし、ゲノム研究のスタイルを一変させるほどのインパクトがありました。

具体的な例としては、2011年に OIST マリンゲノミクスユニットからサンゴのゲノム論文が出ていますが、本論文はこれまでのゲノム論文に比べて著者の数は13人と一桁少ない人数で実現しています。この少人数でのゲノム解読の実現により、今後のゲノム解読が国際コンソーシアムのような大規模体制で行われるのではなく、すべて研究室レベルになるだろうと予想されます。

4. SQC の強みと OIST での成果

OIST ではこれまで新規 (*de novo*) ゲノム解読で成果を残してきました。サンゴ¹⁾、アコヤガイ²⁾、カッチウソウ³⁾などがそうです。

このような参照するゲノム配列情報が無い生物種の場合、リシーケンス（既にゲノム配列情報がある

生物種のシーケンス）解読のようにショットガン解析のデータ量を増やせば良いというわけではなく、メイトペアの解析データも必要となります。メイトペアの解析データは新規ゲノム解析で特に重要であり、このデータが得られない場合、N50（取得データを利用してゲノム配列を再構築してどれだけ長い配列データが得られたかという一つの数値指標）が伸びることはありません。少なくともN50が100 Kbp 以上にならないと、そのデータは研究及び産業に求められるゲノム基盤情報としては不十分だともみなされるのが現在のゲノム解析における常識となっています（みなさん、ゲノム研究発表を聞くときは「N50はどれくらいですか？」と質問するといいですよ！）。

この数値目標の達成は、微生物ゲノムのようにゲノムサイズが数百万塩基程度の小さい生物種では比較的簡単ですが、OIST で解読してきた生物種のように数億から数十億塩基のゲノムサイズを有している生物種では実現が困難なものもありました。新規ゲノム解読の場合、DNA 抽出からライブラリ作成、そしてシーケンサーによる解析において万能な実験手法というものはないので、それぞれの生物種に最適化した実験系を構築する必要があります。これはもう宿命のようなものです。

一筋縄ではいかないこともありますが、そのプロセスをプレッシャーではなくやりがいとして捉えること、それを実現できることが我々の一番の強みだと感じています。現在はまだまだ力不足ですが、一番理想的なスタイルは、我々が構築した技術を世界の誰よりも先に我々が否定し、常に最先端を提示し続けることができれば OIST の組織理念に見劣りしない仕事ができると思っています。

5. 最後に

南方資源利用技術研究会の「熱帯・亜熱帯地域における資源を有効に利用する技術の発達を図る」という目的と OIST の理念、そして我々 SQC の目指しているところに多くの共通点が見受けられ、本研究会での発表と機関紹介を通して皆様に SQC を紹介させて頂けたことをとても嬉しく思います。また、私事ですが、琉大生物資源科学科の学部生時代に第17回本研究会発表会にて発表を行い、13年の時を経て再び南方資源利用技術研究会との関わりができた

ことも勝手にご縁を感じています。今後も、本研究会が我々の技術力向上の刺激となる存在であることを願い、そして我々自身も本研究会へ刺激を与えられる存在になれるよう努力していく所存ですので、どうぞよろしくお願いいたします。

6. 参考文献

- 1) Shinzato, C. *et al. Nature*, 476 (7360) : 320-323 (2011)
- 2) Takeuchi, T. *et al. DNA Research*, 19(2) : 117-130 (2012)
- 3) Shoguchi, E. *et al. Current Biology*, 23(15) : 1399-1408 (2013)

沖縄科学技術大学院大学組織図

