

## セミナータイトル:

DNA シークエンスと生命情報科学: 自活する技術支援ステーションをめざして

## 演者氏名:

工樂 樹洋

## 演者所属:

理化学研究所 ライフサイエンス技術基盤研究センター 分子配列比較解析ユニット

<http://www.clst.riken.jp/phylo/>

## 本セミナーの主旨

次世代シークエンスと呼ばれる近年のDNA解析技術の進歩は目覚ましく、産学問わずその技術をライフサイエンス研究に効率的に利用することの重要性は増すばかりです。本講演では、理研神戸研究所のDNA・タンパク質解析支援部門である分子配列比較解析ユニットの活動を紹介するとともに、とくに次世代シークエンサの運用について、これまで蓄積したノウハウを織り交ぜて話します。次世代シークエンサの利用に踏み切れない、あるいは、利用しているが有効活用できている気がしない、という方にとって、本セミナーがその壁を打ち破るきっかけになることを願っています。同時に、今後のDNA解析技術の利用基盤やそれを担う人材の確保と育成について考えていただくとともに、ポートアイランド内をはじめとする近隣の企業・研究機関のあいだの技術的な連携とより盛んな交流につながれば幸いです。

## 神戸理研のDNAシークエンス解析支援

理化学研究所神戸研究所のDNA解析支援部門は、従来型のサンガーシークエンサを備えた研究支援部門として2004年に発生再生科学総合研究センター(CDB)のゲノム資源解析ユニットとしてスタートした。2006年にはロシュ454 FLXシークエンサが配備され、そのうち2012年にはイルミナHiSeqシークエンサが導入された。同時に、技術補佐員中心のメンバー構成から、サンプルの評価とデータ解析のための博士研究員を含む体制へ移行するとともに、独自の研究と次世代教育を含めた全体のマネジメントを演者が行うこととなった。その後、2014年末には、CDBの質量分析ユニットを併合し、ライフサイエンス技術基盤研究センター(CLST)分子配列比較解析ユニットとして再出発することとなった。現在、ポートアイランド内の企業・研究機関から西日本の大学などを対象とし、技術提供などあらゆる連携の可能性を探っている。

## 次世代シークエンスをどう利用するか？

次世代シークエンスは、SNP検出や遺伝子発現比較、そしてエピゲノムなど広範な解析のニーズを効率的に満たす技術とされている。だが、以前よりは安価になったとはいえ、実験デザイン次第で解析費用は跳ね上がる。また、ChIP-seqなどのアプリケーションでは、サンプルの調製と評価に特別なスキルを要し、それが解析の成否を大きく左右する。シークエンサからの出力データの規模が大きいことも重なり、トラブルシューティングには時間と手間がかかりがちである。こういった現実を踏まえ、

当ユニットでは、解析依頼の大半を占める RNA-seq と ChIP-seq を中心に、微量サンプルの扱いからデータ解析まで、失敗を未然に防ぎ、問題を検出するためのノウハウを蓄積してきた。同時に、市販のライブラリ調製キットやシーケンス試薬のコストダウンのためにさまざまな工夫を施している。次世代シーケンスを有効利用する手がかりは、サンプル調製のコツからインフォマティクス解析への向き合い方まで多岐にわたる。ユーザーがさらに賢くなることが、受託解析の全体的なクオリティの洗練には不可欠である。

### 広がる DNA 情報解析の可能性 ～生命の歴史を読む～

ライフサイエンス研究の多くの場面でヒト以外の生物が使用されており、いわゆるモデル生物だけでなく、これまで分子生物学実験の対象としにくかった生物からもゲノムやトランスクリプトームの情報が得られるようになった。ヒト疾患の分子メカニズムをモデル生物を用いて探るなどの場合、遺伝子の対応関係(オーソロジー・パラロジー)の吟味など、分子進化学のアプローチに基づく種間比較のためのリテラシーが必要となる。遺伝子ファミリーの複数の重複遺伝子からなる多量体形成、クロストーク、機能分担など、遺伝子重複が重要な役割を果たしたパスウェイの解析などの場合も同様である。当ユニットでは、こういった遺伝子・ゲノム配列の生物種間比較の解析も広く行っている。次世代シーケンスによって、自然の貴重な財産ともいえる多様な生物の DNA 情報を大量に取得し解析することも可能になった。ゲノム情報から生命の歴史を読み解く、という面でも今後の展開が期待されている。

### DNA 解析技術支援のこれから ～分野を、そして人を繋ぐ～

さまざまな意味で、次世代シーケンスは、「受託」で行うにはあまりにもヘビーな解析技術ではないか？ 当ユニットでは、求められるデータをより確実に得るための実験デザインの提案と独自の成果についての情報発信を試みるなど、決して「受け身」にならない運営体制を実現することを目指している。一方、人材マーケットは手薄なのが現実であり、その一助となるよう微力ながら近隣の大学における出張講義も行っている。小規模ではあるが、ウェット・ドライそして支援・研究の二刀流で、必要とされる幅広いソリューションを提供する DNA 解析ステーションとしての在り方を探っていきたい。

### 演者プロフィール

工樂 樹洋(くらく しげひろ) 1976 年 奈良県生まれ。1995 年 京都大学理学部卒業。2004 年 京都大学理学研究科 単位取得認定退学。翌 2005 年 博士号取得。5 年間 コンスタンツ大学(ドイツ)に教員として務めたのち、2012 年 3 月より 理研 CDB ゲノム資源解析ユニット ユニットリーダー。2014 年 11 月より 理研 CLST 分子配列比較解析ユニット ユニットリーダー。2013 年より 関西学院大学大学院理工学研究科 客員准教授。2014 年より 神戸大学 自然科学系先端融合研究環 客員准教授。専門はゲノム進化学、分子系統学。