課題に挑む 技術士のソリューション〔109〕

技術者教育⑯

ゲノム解析の進歩

活用進む次世代シーケンサー
解析技術者育成が課題

東京農工大学大学院農学系ゲノム科学人材育成プログラム特任教授
石井 一夫（生物工学部門）

遅れ目立つ日本

2005年前後に実用化された並列型高速自動DNA解析装置（いわゆる次世代シーケンサー）により、生物のゲノム（全遺伝情報）解析を日常的に、短時間に、大量に行うことが可能となってきた。ロシュ（スイス）の454、イルミナ（米国）のHiSeqなどがその代表である。医療分野でのがんや心臓病の病理解明、予後診断、体内や環境中の微生物分析、イネや農作物、家畜などの育種などに対して応用が進んでいる。

米国、欧州、中国などでは、大量の資金を投入したゲノム解析センターが構築され、国家の威信をかけての研究が進み、製薬、食品分野などでの利用が推進されている。しかし、日本では遅れが大きく、次世代シーケンサーを駆使し、ゲノム解析ができる人材も少ないのが現状である。特に、データ解析では、Linux（リナックス）を基礎とするソフトを用いた比較的高度な解析技術を習得する必要があるため、人材育成が非常に困難であるという認識であったと思われる。

フリーソフト

このような現状の中、東京農工大学では、文部科学省の特別経費支援を受け11年4月より、次世代シーケンサーや最新の質量分析装置を用いたゲノム解析、データ解析を行いたい学生を募集し、その方法を伝授する教育を開始した。

データ解析には、次世代シーケンサーから排出されたデータを用いるが、対象となるモデル生物などのゲノム配列データは、米国の国立バイオテクノロジー情報センター（NCBI）や欧州バイオインフォマティクス研究所（EBI）のウェブサイトから入手し、各国の大学研究機関から公開されているフリーソフトをダウンロードしてデータ解析環境を構築した。使われているOS（基本ソフト）は、フリーソフトのLinuxとフリーソフトウェア財団プロジェクト（GNU）などから提供されるソフト群である。

これらのデータ解析環境は、アウトソーシング（外部委託）すれば、数百万円かかるシステム環境に相当するが、フリーソフトを組み合わせることで、コストをほとんどゼロで構築し得た。必要に応じて、自分でプログラミングを行い、新しいソフトの作成も行った。この解析環境は、非常に高度な印象を与えるが、きっかけさえつかめれば数週間で、学生が使いこなせるレベルである。

東京農工大農学系ゲノム科学人材育成プログラムで利用されている次世代シーケンサー

意外に易しいし、それでも使い方次第によっては、世界最先端の研究所に匹敵するような解析データを排出できる。

学生が数週間で

幸い、数週間でゲノム解析が可能になる学生も現れてきており、これらの技術の習得は想像されたほど困難なものではないということが実証されつつある。また、本学の学生だけでなく、他校の学生、教員、一般社会人へと対象を広め、ゲノムデータ解析に関するセミナー講習会を開催し、これらの技術の普及に努めている。今後、世界に通用するゲノム解析技術者の育成に努めて行きたい。

（水曜日に掲載）

無断転載・複写禁止 ㈱日刊工業新聞社