

## 第342回 大阪大学臨床栄養研究会

日時： 平成25年11月11日（月）18：00～

場所： 大阪大学医学部 講義棟2階B講堂（吹田市山田丘2-2）

### テーマ：次世代DNAシーケンサの感染症および 微生物フローラ解析への応用

大阪大学微生物病研究所 遺伝情報実験センター  
感染症メタゲノム研究分野 飯田 哲也 教授

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」は、半日で数百メガ塩基対以上のDNA配列を解読する性能を有する。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。

我々は、次世代DNAシーケンサを用いて臨床検体から網羅的に病原体を検出する方法の開発を行ってきた。この新しいアプローチの利点のひとつは、従来の検査法のような手間や経験、習熟を必要とすることなく、比較的シンプルなプロトコールでさまざまな微生物が検出できるということである。その結果、通常想定しないような病原体やこれまで知られていなかった新規病原体をも検出できる可能性がある。その一方で、特に想定外の微生物が検出された場合には、得られた結果が臨床的に（病気の原因となる微生物の同定に）どこまで意味があるかを評価する能力が求められる。そのためには臨床症状や疫学情報、および微生物に対する幅広い知識をもって評価することが必要となる。

また、次世代DNAシーケンサの出現は、それまで技術的に容易ではなかった微生物フローラの解析を現実的なものとした。現在ではほぼ毎週のように微生物フローラに関する論文がハイインパクトジャーナルに掲載されている状況である。微生物フローラ解析は今後ますます一般的な解析手段になるものと思われる。

本講演では、次世代シーケンサの感染症および微生物フローラ解析への応用について、我々の経験を中心に紹介したい。

世話人：高度救命救急センター 小倉 裕司

E-mail: [ogura@hp-emerg.med.osaka-u.ac.jp](mailto:ogura@hp-emerg.med.osaka-u.ac.jp)

講演では、腸内細菌叢の網羅的な解析など最新のアプローチを紹介戴く予定です。

次回、第343回 CNC は、看護実践開発科学 梅下 浩司先生のお世話で  
平成26年1月20日開催予定です。