

<BGI JAPAN社との共同研究開発に関するQ & A>

Q1. 次世代シーケンス技術とは？

- A1. 遺伝子の並び方を決める最新の技術で、従来は遺伝子の並び方を端から順に決めていきました。最新の技術では、短い領域の遺伝子の並び方をランダムに一斉に読むことができ、その並び方、すなわち配列をコンピューターにより後でつなげていきます。この技術の開発により遺伝子の配列を解読するスピードが格段に速くなりました。また最近、この技術にかかる費用も大きく低下して、多くの遺伝子配列を短時間で決められるようになりました。この技術により、個人レベルでのゲノム解読の普及が可能となり、今後の我々の目指すテーラーメイド医療実現には欠かせない技術の一つです。

Q2. 次世代シーケンス技術の現状や今後の展望は？

- A2. 次世代シーケンス技術を用いた解析装置の次世代シーケンサーは、欧米や中国において、盛んに導入および活用され始めていますが、それに比べて日本は、一步も二歩も遅れているのが現状です。しかしながら、最近日本においても、その技術は着実に普及し始めており、今後ヒト遺伝子と疾患原因の関係究明のほか、バイオテクノロジー、環境エネルギーの研究への応用などへの利用が期待されています。

Q3. 「DNA コレクト」のメリットは？

- A3. これまで遺伝子検査といえば、血液検体などからDNAを抽出して検査を行うのが一般的でしたので、採血や輸送の問題等があり、遺伝子検査普及の障害となっていました。しかしながら、我々の開発した「DNA コレクト」を用いれば、どこでも誰でも手軽に検体の採取が可能となり、また常温保管・常温輸送が可能のため、この「DNA コレクト」と次世代シーケンス技術を始めとする最新の解析技術を組み合わせれば、医療分野で大きな貢献ができると考えています。

Q4. BGI はどのような活動をしている企業か？

- A4. 次世代シーケンス装置を世界最大規模で所有し、遺伝子配列決定による近年の発見の多くを成し遂げています。BGIは、創立して以来、ヒトゲノムプロジェクト、国際HapMap 計画に相次いで参画し、史上初のアジア人ゲノムを完全に解読しました。また、ニワトリ、イネ、カイコ、ジャイアントパンダなどを含めた数多くの動植物ゲノム解析プロジェクトを完成しました。

これらのプロジェクトの実施に伴い、BGI は大規模ゲノムシーケンシング、効率的バイオインフォマティクス解析、革新的遺伝子医療を基盤としたプラットフォームを構築した上、2009 年にアジア最大のゲノム研究所、ひいては世界でも有数のゲノム研究機関の一つになりました。

BGI は、Nature やScience など一流の科学誌に130 篇以上の研究論文を掲載しており、革新的な研究実績を持っています。さらに、業界最高の技術やバイオインフォマティクス知識を活用することにより、医療、分子育種、環境保全・修復など幅広い分野へ応用することを目指しています。

Q5. どうして感染症に焦点が当てられたのか？

A5. 弊社の遺伝子採取技術は、遺伝子採取が容易で多くの人たちを対象に行うことができます。また感染症の菌同定には従来の検査ではある程度の推測を前提に検査を行っていました。

しかし、次世代シーケンス技術を用いることにより、ランダムに遺伝子配列を決めることができ、網羅的に存在する菌の種類や量を推定、更に新種の菌も遺伝子配列レベルで発見することができるからです。

Q6. 感染症で感染源の同定はどのような恩恵があるのか？

A6. 感染菌の遺伝子配列がわかることにより、検査結果が短期間で提供できるようになります。また、新種の感染源のワクチンも作成できるようになり、検査と治療が短時間でできるようになります。