

序

次世代DNAシーケンサー（NGS）の登場により、大量のDNA配列情報を低価格で高速、高精度に得られるようになった。これにより、ゲノム科学はビックラボのものだけでなく、ひとりひとりの研究者の手に届いたのだ。すでにNGSはライフサイエンスの各分野にさまざまな革新をもたらし、もはや“次世代”の装置ではない。

NGSは簡単に言ってしまうと、単にDNA配列を大量に計測する装置だが、計測するDNAを工夫することで、さまざまな生命現象を測れる多目的装置であるところに面白さがある。例えば、DNA構造だけでなく、RNA転写量やクロマチン構造、DNA/RNA-タンパク質相互作用、DNA結合タンパク質の修飾を1つの装置で測定できる。今もなお、世界中の研究者が日々新しいシーケンス手法を開発し続けている。現在、私を知るシーケンス手法だけでもすでに90手法に届く勢いであり、新手法がトップジャーナルの誌面を賑わしている。定量性と網羅性の両方を飛躍的に向上させたゲノム科学は、もはや博物学的な研究ツールというイメージを逸脱し、生命を理解し制御、再構成するために、必要な情報を計測する必須装置としての地位を確固たるものにした。さらにモデル生物のみならずフィールドの生物の生命機能を直接研究できる装置としてもその威力を発揮し、偏りのない普遍的な生命観や生物多様性の根源的理解の一翼を担っている。

しかしながら、NGS解析に敷居を感じている研究者もまだまだ多いのではないかと。まず、ひとりの研究者やひとつの研究チームが、多様でかつ進歩の非常に速いNGS技術を正確にフォローするのは困難極まりない。また実験費用が下がったとはいえ、ほかの実験と比べて、やはりまとまった試薬代が必要であるため、NGS実験はそれなりの知識と経験、勇気が必要である。NGSは数GB～TB級データを出力するため、大規模データ解析に慣れていない実験系研究者には、データから知識を引き出すこと自体にも困難さが残る。最近では、NGS解析の総説集が出版され、その敷居は下がりつつあり、NGS実験・解析への憧れを募らせる研究者も多いだろう。ところが、NGS実験の計画や、試薬・機器の選定、適切なプロトコール、実験・解析のコツなどの実践的な経験知は体系化されていない。

そこで本書はNGS実験・解析の実践的プロトコールを提供することを目的とした。試薬キットに添付されているような、無機質なプロトコールではなく、コツや実験の品質評価など、本書1冊で実験が始められる内容を目指した。さらに多様なシーケンス手法のうち代表的で使いやすい手法を厳選し紹介した。

本書では、執筆者として、実際に手を動かして実験・解析をしている現場の方や、実験手法・解析法そのものの開発者、日夜、大量の共同研究を捌く老舗のゲノム系研究者、シーケンス機器・試薬メーカーの技術者、データベースやスーパーコンピュータを提供する研究者などの方々にお願

日々の研究で想像を絶する苦勞をして得たノウハウを惜しげもなく提供して頂いた執筆者のみなさまに深く感謝したい。また普段から情報交換をさせて頂いている私のラボのメンバーやNGS現場の会、インターネットで情報発信しているみなさまに感謝する。これだけの多様な内容の書籍を出版までサポートして頂いた羊土社の間馬彬大さん、蜂須賀修司さん、冨塚達也さんに心から感謝を申し上げる。本書が読者のみなさまが掲げる夢を実現する助けになると幸いである。それを通じて、日本のゲノム研究がさらに盛り上がることを心からお祈り申し上げます。

2014年7月

二階堂 愛