

HiFi ロングリードシーケンスを応用した腸内細菌叢解析の高度化

理化学研究所 生命医科学研究センター

共生微生物叢研究チーム チームディレクター

須田 互

腸内細菌叢研究は、高速シーケンサーによるメタゲノム解析や 16S rRNA 遺伝子アンプリコン解析を基盤として大きく発展してきた。

しかしながら、従来広く用いられてきたショートリードシーケンサーによるショットガンメタゲノム解析では、リード長が数百塩基に限られるため、得られるコンティグは短く、細菌の染色体全体やプラスミド、ファージなどの染色体外遺伝要素を完全長で解読することは極めて困難であった。

近年、精度の向上が著しいロングリードシーケンサーにより、1 リードが 10 kb 以上に及ぶ配列データが得られるようになった。これにより、複雑な細菌叢を構成する微生物の遺伝因子を高精度にアセンブルできるようになり、同一種内での染色体構造の多様性や、さまざまな染色体外遺伝要素を網羅的に明らかにすることが可能となってきた。

また、16S rRNA 遺伝子アンプリコン解析についても、従来のショートリードシーケンサーでは、9 つ存在する可変領域のうち 2~3 領域のみを対象とせざるを得ず、分類精度は科~属レベルにとどまっていた。一方、ロングリードシーケンサーの導入により 16S rRNA 遺伝子全長を対象とするアンプリコン解析が可能となり、種から株レベルに迫る高精度の同定が実現している。

このように、ロングリードシーケンス技術の活用によって腸内細菌叢解析の解像度は飛躍的に向上し、新たな知見の獲得が加速している。

本ウェビナーでは、PacBio 社のロングリードシーケンサーを用いた最新の腸内細菌叢研究の事例を紹介する。