

序

次世代シーケンシング (NGS) 技術は、現代の生命科学に革新をもたらした。DNA 配列を安価かつ大量に決定する“だけ”の装置であるが、解析にかけるサンプルを工夫することで、遺伝子発現の定量やエピゲノム状態、環境中に存在する生物種の網羅的同定など実にさまざまなことを調べることができる。近年では DNA や RNA を次世代シーケンサーで解析するために“ライブラリー”に変換するためのスタンダードな手法が複数キット化され、多数の企業から各種受託解析サービスも提供されている。また、ライブラリー調製法や、生み出されたデータの解析法に関してもインターネットや書籍で体系的に紹介されている。例えば、本書の出版元である羊土社は次世代シーケンサー関連の書籍をこれまでに多数刊行しており、それらに助けられた読者も多いのではないだろうか。筆者もその1人である。そのため、NGS 登場時に比べれば予算・技術の両方面で非専門家による NGS 使用のハードルが大きく下がっている。このような状況において初学者が NGS 実験をはじめるときに必要なってくるのが、実験デザインを立てるための知識と、なによりも質のよいサンプルを調製する技術である。しかしながら、実験デザインや受託解析を利用する“前”のサンプル調製にフォーカスした和文実験書は手薄であり、本書はそれらをカバーするために執筆されている。

本書のコンセプトは誰でも再現できるプロトコルを提供することである。熟練者にとっては当たり前のことが初心者には常識でないということはよくあることで、本書では「学部生でも本書があれば高品質なサンプルを調製できること」をめざして、初歩的なことでも注意点を書き、使用する試薬・器具は具体的に例示することを、各執筆者には意識していただいている。

また、本書では、多様な生物種・組織を対象とした、さまざまなサンプルプロトコルが紹介されている。本書の特徴として、対象サンプルが異なれば、手法が同じであっても改めて掲載している点がある。そのため、困った際に辞書的に利用するだけでなく、横断的にプロトコルを比較しそれぞれの手法の長所や汎用性を理解し、読者が対象とするサンプルに特化したアレンジ版プロトコルを作成する際の足掛かりとすることも可能だろう。

第1章では RNA-Seq などの NGS を使った各解析手法の原理や全体像を紹介し、初学者に NGS 解析の全体像を提供している。続く第2章では、共同研究などで Dry 解析に携わる側の視点で、実験をはじめるときに Wet 研究者に知ってもらいたいことを紹介しており、初学者が実験デザインを考えるうえで、ぜひ、目を通していただきたい。第3～6章では、DNA や RNA、シングルセル解析用の細胞といった具合に対象となるサ

サンプル種ごとにさまざまな生物種・組織の調製プロトコルを紹介してもらっている。市販のキットを使用したものから、自作試薬を利用したものまで多岐にわたっており、初学者から熟練者まで新たな発見が含まれているはずである。なお、ChIP-Seqに関しては、サンプル調製とライブラリー調製がリンクしたプロトコルであるため、受託解析を利用する前のサンプル調製に焦点を絞るコンセプトに従って、受託解析での実施が困難な植物を対象としたChIP-Seqの例のみを紹介している点をご了承いただきたい。また、巻末には、付録として有志企業による受託NGS解析サービスの比較表も掲載しており、依頼先選定の際に利用していただきたい。

最後に、トライアルアンドエラーから得られたノウハウを惜しみもなく提供してくださった共同編集者の伊藤様、尾崎様を含む執筆者の皆様、本書の企画から出版までをフルサポートしていただいた羊土社の早河様、吉田様、そして付録作成にご協力いただいた各受託サービス提供企業の皆様には心より感謝申し上げたい。本書が日本のサイエンスの進展に少しでも貢献し、皆様のNGSライフが実りあるものになることを心より願っている。

2024年5月

編者を代表して
鹿島 誠