



# 次世代シーケンシング(NGS)を活用した絨毛膜羊膜炎発症予測を可能にする自己学習型アプリケーションの開発



福岡大学病院 講師

漆山 大知

分野 医学・健康

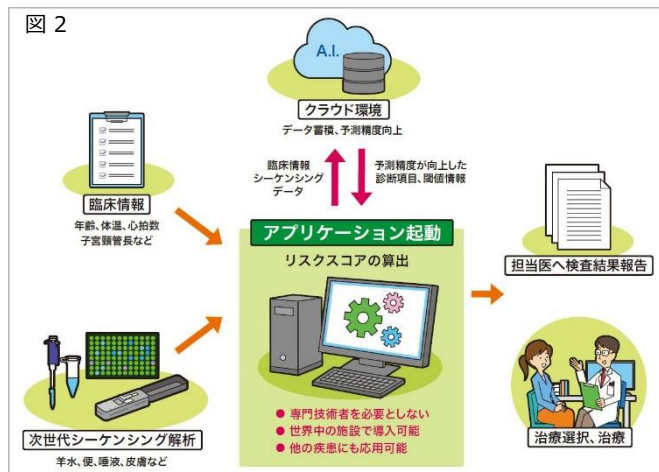
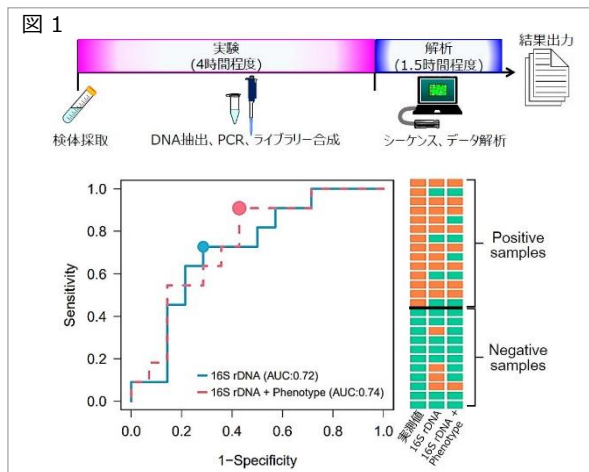
キーワード 次世代シーケンシング、絨毛膜羊膜炎、機械学習、診断予測

## 概要

子宮内感染は、細菌感染による炎症性疾患であり、早産の原因、および、胎児炎症反応症候群、発達遅滞といった出生児の重篤な予後と密接な関わりを持つ。我々は、近年著しく発達した次世代シーケンシング(NGS)技術を活用し、臍由来試料から迅速かつ的確に子宮内感染を予測する手法を確立した。

本手法は試料採取から4時間程度の分子生物学実験の後、NGS技術を用いた1.5時間程度の16S rDNA解析から、計5.5時間程度で予測結果を取得可能としている(図1上段)。この16S rDNA解析は過去の解析結果に対して機械学習を行い、予測に重要な細菌種を特定し、以降の予測へと活用している。したがって、解析症例数が増加するほど予測精度の向上を見込める。また、予測には16S rDNA解析結果だけでなく、母体心拍数、子宮頸管長などの患者臨床情報を組み合わせることで、従来よりも精度の高い予測を実現している(図1下段)。さらに、我々は専門技術を要するデータ解析部分をクラウド環境下に構築し、アプリケーション化することに成功した(図2)。これにより、臨床現場の医師が各端末からアクセスし、臨床情報とシーケンシング結果を送信するだけで、自動的に予測結果を取得することができる。

本技術は理論上、対象疾患を問わない。したがって、迅速性を要する様々な疾患に適応可能であり、従来の疾患予測システムを大きく向上させるものである。



## 特徴、効果、独創的な点

- NGS解析技術を内包し情報解析技術を有しない開業医にも活用できる。
- 疾患を問わず患者の生体情報とNGSデータとを組み合わせることで発症を予測できる。
- 機械学習による予測精度向上機能を内包している。

## 適用分野、用途

- 一般的な細菌感染症の予知と診断
- 細菌叢解析による生活習慣病等の予測診断
- 細菌叢改善の効果判定

## 論文、知的財産情報等

- 次世代シーケンスデータを用いて発症を予測する自己学習型アプリケーションの開発 (特開2023-109481)