

研究課題名「次世代シーケンスデータ解析に必要な病原微生物診断パイプラインの開発」に関する情報公開

1. 研究の対象

2015年9月30日以降「次世代シーケンサーを用いた重症感染症の原因微生物の網羅的解析」に参加された方

2. 研究目的・方法・研究期間

<研究の目的>

感染症患者の臨床サンプルから得られた NGS データを自動的に解析し、病原微生物候補を出力する、多施設が利用可能な解析パイプラインを開発し、ウェブアプリケーションとして公開する。。

<研究方法>

独自に開発した解析パイプラインにより、微生物ゲノムを以下の手順で同定する。

- 1) 次世代シーケンス解析を行った結果の FASTQ データ(ゲノムデータ)を、解析パイプラインに入力する
- 2) FASTQ データから、ヒトゲノム配列を除去する
- 3) 病原微生物データベースを参照し検索する

現在、パイプラインはパイロット版であり、解析症例数を増やすことで、診断精度の実証を行う。診断は、他の公開されたパイプラインとの解析結果比較により行う。解析パラメーターや使用するリファレンスデータを修正することで、臨床応用可能なパイプラインを構築する。

<研究期間>

実施承認日～2024年3月31日

3. 研究に用いる情報の種類

- 1) 次世代シーケンス解析で得られた FASTQ データ (微生物ゲノムデータ)
- 2) 年齢・性別・初診時病日 (症状発症からの日数) ・初診時身体所見・家族歴・既往歴・受診までの臨床経過・保存検体が採取された病日・血液検査結果・各種培養結果・治療経過等

4. お問い合わせ先

本研究に関するご質問等がありましたら下記の連絡先までお問い合わせ下さい。ご希望があれば、他の研究対象者の個人情報及び知的財産の保護に支障がない範囲内で、研究計画書及び関連資料を閲覧することが出来ますのでお申出下さい。

照会先および研究への利用を拒否する場合の連絡先：

名古屋大学大学院小児科学・医学部附属病院小児科 伊藤 嘉規
(電話 052-744- 2294)

研究責任者：

名古屋大学大学院医学系研究科小児科学 伊藤 嘉規