

Examination of the usefulness of next-generation sequencing in mixed DNA samples

百田, 芙美

<https://hdl.handle.net/2324/4496002>

出版情報 : Kyushu University, 2021, 博士 (医学), 課程博士
バージョン :
権利関係 : (c) 2021 Published by Elsevier B.V.

(別紙様式2)

氏名	百田 芙美
論文名	Examination of the usefulness of next-generation sequencing in mixed DNA samples
論文調査委員	主査 九州大学 教授 二宮 利治 副査 九州大学 教授 三浦 岳 副査 九州大学 教授 林 哲也

論文審査の結果の要旨

DNA 型鑑定により、混合の DNA 型が検出された際、その関与人数の推定が被疑者を特定する上で極めて重要である。特に性犯罪における混合試料においては、被害者と被疑者以外の第三者の DNA 型が検出されていないと言及できるか否かが極めて重要となる。DNA 型検査の識別力は飛躍的に向上したものの、現行のキャピラリー電気泳動 (CEP) を用いた short tandem repeat (STR) 型解析で関与人数を特定することはできない。混合の DNA 型が検出された際、その検出されたアレル数から、最少の関与人数を言及することのみ可能である。そこで、DNA 検体の混合の有無を同定する上で、次世代シーケンサー (NGS) の有用性を検討した。

その結果、CEP による STR 塩基配列解析では確定できなかった 2 名の DNA の混合に関して、NGS による STR 塩基配列解析及び一塩基多型 (SNP) 解析を行うことにより DNA の混合を確定することが可能であった。これらの混合遺伝子の同定は、2 つの DNA の混合比が 1 : 2 ~ 1 : 5 でも可能であった。さらに、50 名の DNA 検体から中から無作為に選んだ 2 名の DNA 検体を混合し、他の 48 名の DNA 検体と混合 DNA 検体を区別できるか SNP 解析を用いて検討した。その結果、区別することは可能であった。最後に、紫外線 50~5000 mJ/cm² 照射により分解させた DNA 検体を用いた SNP 同定の可否を検討したところ、100 mJ/cm² 照射までは同定可能であった。

以上の成績は、NGS による STR 塩基配列解析及び SNP 解析を実施することにより、被害者及び被疑者 2 名の混合 DNA を同定することが可能であることを支持するものであり、この方面の研究の発展に重要な知見を加えた意義あるものと考えられる。本論文についての試験はまず論文の研究目的、方法、実験成績などについて説明を求め、各調査委員より専門的な観点から論文内容及びこれに関連した事項について種々質問を行ったが適切な回答を得た。

よって調査委員合議の結果、試験は合格と決定した。