

次世代シーケンサー解析講習会

環境中の微生物の種類と数を解析してみよう ～微生物群集構造解析入門～

近年、生物のゲノム情報をハイスループットに解析できる次世代シーケンサーが急速に普及しています。次世代シーケンサーを活用することによって、ヒトの遺伝子診断や農畜産物の品種判定など、様々な新しいサービスが生まれつつあります。国立大学法人豊橋技術科学大学は、国際ヒトゲノムプロジェクトのリーダーとして活躍された榊佳之前学長の主導により、次世代シーケンサーを活用した先端研究を進めてきました。この度、本学社会人学び直し事業の一環として、次世代シーケンサー解析講習会を開催する運びとなりました。今年度は、環境中に存在する微生物の「種類」と「数」を高精度に調べる手法（微生物群集構造解析）をご紹介します。ご希望のDNA試料を持ち込み、ご自身で解析していただきます。新たな研究開発に取り組む企業の方々、シーケンス技術を研究に生かしたいアカデミアの方々、各種試験機関、農林水産・畜産を営むの方々など、幅広い分野からの皆様のご参加をお待ちしております。

日 時 平成29年9月6日(水) 9:30～9月8日(金) 16:00

講習会場 豊橋技術科学大学 総合研究実験棟 (F-601 実験室、F-903 セミナー室)

交通案内 ホームページ(<http://www.eiiris.tut.ac.jp/japanese/>)をご参照ください。

主 催 豊橋技術科学大学 エレクトロニクス先端融合研究所(EIIRIS)、環境・生命工学系
共 催 豊橋技術科学大学 社会連携推進センター

講 師 豊橋技術科学大学 環境・生命工学系 助教 広瀬 侑
豊橋技術科学大学 エレクトロニクス先端融合研究所 准教授 中鉢 淳

受講対象者 企業・自治体・公的研究機関等の技術者・研究者 等

定 員 10名程度

受講料 50,000円 所定期日までに銀行振込みにてお支払い下さい。(別途ご連絡)

申込期限 平成29年8月8日(火)(必着)

申込方法 豊橋技術科学大学 EIIRIS ホームページ(<http://www.eiiris.tut.ac.jp>)に掲載されている参加申込書にご記入いただき、E-mail(genome-lecture@eiiris.tut.ac.jp)にてお申込みください。応募者が定員(10名)を越える場合は主催者側で受講者を選考させていただきます。

問い合わせ 不明な点があれば、E-mail(genome-lecture@eiiris.tut.ac.jp)にてお問い合わせください。

【講習会のスケジュール】

9月6日(水)会場：総合研究教育棟 F-903セミナー室、F-601実験室

- 9:00 ~ 9:30 受付(総合研究教育棟F-903)
- 9:30 ~ 9:35 開講の挨拶
- 9:35 ~ 12:00 解析手法の概要説明と遺伝子のPCR増幅
- 12:00 ~ 13:00 昼食会
- 13:00 ~ 16:00 インデックスPCR、定量、シーケンス開始

9月7日(木)会場：総合研究教育棟 F-903セミナー室

- 9:00 ~ 12:00 バイオインフォマティクス基礎講習
- 12:00 ~ 13:00 昼休憩
- 13:00 ~ 16:00 データ解析実習
- 18:00 ~ 豊橋駅前にて懇親会(希望者)

9月8日(金)会場：総合研究教育棟 F-903セミナー室

- 10:00 ~ 12:00 各自試料のデータ解析
- 12:00 ~ 13:00 昼休憩
- 12:00 ~ 16:00 各自試料のデータ解析、終了次第解散

【サンプル条件】

- ・サンプル数は、申込者1名につき4サンプルまでお受けいたします。
- ・Tris-EDTA 溶液に溶かしたDNAをお持ちください。DNAの精製には市販のカラム精製キットをご使用ください。
- ・サンプルのDNAの濃度は、10 ng/ μ l以上、トータルで数十 μ l以上ご用意ください。
- ・サンプルは当日ご持参ください。冷蔵が望ましいですが、室温でも構いません。
- ・本講習会では、MiSeq シークエンサーを用いてシーケンスを行い、DADA2 パッケージ(Callahan et al., 2016 *Nature Methods*)を用いてデータ解析を行います。
- ・Mac OS 10.6以上のパソコンをお持ちいただければ、ご自身のパソコンに環境環境を構築する事ができます。Macパソコンをお持ちで無い方には、お貸しいたします。
- ・サンプルについて不明な点があれば、E-mail(genome-lecture@eiiris.tut.ac.jp)までお問い合わせください。