

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～

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普及し、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。この度、国立大学法人豊橋技術科学大学の社会人向け実践教育プログラムの一環として、次世代シーケンサー解析講習会を開催いたします。今年度は、環境中に存在する生物の「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8検体持ち込み、DNA調製からシーケンス、得られたデータの解析までを2泊3日の日程で行います。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大学や高等専門学校・各種試験機関の方々、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】 2022年9月7日（水）9：30～9月9日（金）16：00

【講習会場】 豊橋技術科学大学 G棟（G-520 実験室およびG-208 セミナー室）

【交通案内】 ホームページ(<https://www.tut.ac.jp/about/access.html>)をご参照ください。

【主催】 豊橋技術科学大学 応用化学・生命工学系、エレクトロニクス先端融合研究所(EIIRIS)

【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 応用化学・生命工学系 准教授 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・大学・公的研究機関等の技術者・研究者 等

【定員】 8名 （最少催行人数4名）

【受講料】 50,000円 （教材費・解析費込）

受講者決定後、振込手続きをご案内します。

指定の期日（開講前）までに銀行振込みにてお支払いをお願いします。

対応が難しい場合にはご連絡ください。

【申込期限】 2022年8月9日（火）（必着）

【申込方法】

・豊橋技術科学大学社会連携推進センターのホームページ
(<https://www.sharen.tut.ac.jp/program/2022/2021-s3.html>) に掲載されている参加申込書にご記入いただき、E-mail (jinzai@office.tut.ac.jp) にてお申込みください。応募者が定員（8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。

【受講のご案内と中止の周知について】

- ・申込み期限後速やかに、受講頂けるかどうかについてメールにてご連絡致します。
- ・開講のご連絡以降も新型コロナウイルス感染拡大状況により、学内での対面講義が適切でないと判断された場合、講座は中止となります。予めご承知おき願います。
- ・中止となった場合、それまでに振込頂いた受講料は全額返金致します。
- ・急な中止のご連絡となった場合においても、宿泊費用等のキャンセル料のご負担は、本学では一切できかねますのでご承知おきください。

【下記の状況では、来場を自粛頂く場合があります】

- ① 開講日時点で新型コロナウイルスの緊急事態宣言または蔓延防止等重点措置が発令されている都道府県・市町村在住の応募者の方
- ② 開講2日前、前日、当日いずれかに発熱、あるいは咳・咽頭痛などの症状がある場合
- ③ 新型コロナウイルスに感染し、開講日が療養終了日から7日間以内の方
- ④ 新型コロナウイルス感染症患者の濃厚接触者で、開講日が患者と接触があった日の翌日から7日間以内の方

【感染対策の依頼】

- ・受講までの期間は、ご健康に気をつけていただくとともに、発熱や体調不良が見られる場合は、開講日前日午前中までにメール若しくは電話でご連絡をお願いします。
- ・開講日当日の受付では、検温と健康状態の確認をさせていただきます。マスク着用（フェイスガードは不可）の上、手指消毒にて入場頂きます。
- ・大学構内ではソーシャルディスタンスを確保し、大声での会話を控えるとともに、開講期間中の複数人でのアルコールを伴う飲食を避けるなど、感染防止対策へのご協力をお願いします。

【本学の感染対策】

- ・講習会場では、三密を避けた配置と手指消毒薬の配置、入退場口の開放など換気を徹底するとともに下記の大学ガイドラインにのっとり適切な感染予防措置をとって参ります。

<https://www.tut.ac.jp/info/corona/katudo.html#kijyun>

問い合わせ】 不明な点があれば、E-mail(jinzai@office.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7日（水）会場：G-520実験室

- 9：00～ 9：30 受付（G-208）
- 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
- 13：00～16：00 インデックスPCR、定量、シーケンス開始

9月8日（木）会場：G-208セミナー室

- 9：00～12：00 ターミナル入門（希望者のみ）
- 12：00～13：00 昼休憩
- 13：00～16：00 QIIME2を用いた菌叢解析

9月9日（金）会場：G-208セミナー室

- 9：00～12：00 R入門（希望者のみ）
- 12：00～13：00 昼休憩
- 13：00～16：00 Rパッケージを用いたデータ解析実習、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8サンプルまでお受けいたします。
- ・Tris-EDTA 溶液に溶かしたDNAを調製ください。DNAの精製には市販のカラム精製キットを必ずご使用ください。サンプルのDNAの濃度は、10 ng/μl以上、トータルで数十μl以上ご用意ください。
- ・サンプルは9/7（水）までに以下の宛先にクール便（冷蔵もしくは冷凍）で送付してください。

宛先：広瀬 侑 〒441-8580 愛知県豊橋市天伯町雲雀ヶ丘 1-1 豊橋技術科学大学 G-507 TEL: 0532-44-6906

※但し受講通知以降、開講日までに感染状況の変化により、開講できなくなった場合には、頂いたサンプルのご返却、サンプルに基づく解析データの送付はできかねますので、予めご承知おきをお願い致します。

- ・8サンプルのそれぞれにつき、原核生物の16S rRNA および真核生物の18S rRNA 領域をPCR増幅してシーケンスし、データ解析を行います。
- ・今年度の講習会では、MiSeq シーケンサーを用いてPCR産物の250bpのペアエンドシーケンスを行い、QIIME2 およびPhyloseq パッケージを用いてデータ解析を行います。
- ・Mac OS 10.12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解析環境を構築することができます。Macパソコンをお持ちで無い方には、お貸しいたします。
- ・2日目の午前中にコマンドライン入力の実習、3日目の午前中にRの実習も行いますので、バイオインフォマティクス初心者の方でもご参加いただけます。
- ・不明な点があれば、E-mail(jinzai@office.tut.ac.jp)までお問い合わせください。