

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、それぞれの試料について原核生物および真核生物の組成を、QIIME2およびRパッケージを用いて解析していただきます。今年度は、新型コロナウイルス感染の防止のため、DNA調製とシーケンスは予め運営者側で行い、データ解析を一泊二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・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】 2021年9月9日（木）10:00～9月10日（金）16:00

【講習会場】 豊橋技術科学大学 G棟 (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 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・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 開講初日に現金にてお支払いください。

【申込期限】 2021年8月25日（水）（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（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】

- ・申込み期限の翌日 8/26 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。中止のご連絡は実施日前日午前中までを予定しています。やむを得ず急なご連絡となる場合もありますので、予めご承知おき願います。
- ・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。

【来場を自粛頂く基準について】

- 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 当日の発熱または普段より体温が高い、あるいは咳・咽頭痛などの症状がある場合
- ② 新型コロナウイルス感染者の濃厚接触者であることが判明した場合。

【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、別紙「受講生健康チェック表」に毎日の体温や健康状態を前日まで記載頂き、開講日に受付で提出頂きますようお願い致します。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。
- ・大学構内では受付、講習会場、昼食場所など、移動経路を指定させていただきます。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(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9日（木）

10:00～10:30	受付
10:30～12:00	ターミナル入門（希望者のみ）
12:00～13:00	昼食休憩（途中参加者受付）
13:00～14:00	菌叢解析法の説明
14:00～17:00	QIIME2を用いた菌叢解析

9月10日（金）

9:00～10:30	R入門（希望者のみ）
10:30～12:00	Rパッケージを用いたデータ解析実習
12:00～13:00	昼食休憩
13:00～16:00	Rパッケージを用いたデータ解析実習

【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 9/1（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-508 TEL: 0532-44-6912

※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 300bp 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。
- ・初日の午前中にコマンドライン入力の実習、2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(genome-lecture@eiiris.tut.ac.jp)までお問い合わせください。