

令和 6 年度 東海・北陸地区国立大学法人等技術職員合同研修（生物・生命コース）
日程表

日程 令和 6 年 8 月 28 日（水）～令和 6 年 8 月 30 日（金）

会場 静岡大学（遺伝子実験棟）、国立遺伝学研究所（研究実験 W 棟）

	8 月 28 日（水）	8 月 29 日（木）	8 月 30 日（金）
	静岡大学 遺伝子実験棟	遺伝研 研究実験 W 棟	遺伝研 研究実験 W 棟
9	9:30 受付（遺伝子実験棟 1 階）	9:00 バス移動 静岡駅南口スルガ銀行前集合、 遺伝研行き	9:00 実 習 「生物系統とバイオーム、マイクロバイオーム」
10	10:00 開講式・オリエンテーション		有田正規 教授
	10:30 講 義 「次世代シーケンサーの基礎と解析事例～静岡大学の運用を例として～」 静岡大学 静岡共同利用機器センター センター長 道羅英夫 教授	10:30 挨拶 生命情報・DDBJ センター長 有田正規 教授	
11		10:45 プレゼンテーション 研修受講者の自己紹介プレゼン	11:00 講 義 「海外からの遺伝資源を円滑に利用するには？～生物多様性条約とデジタル配列情報の議論の最新情報～」 国立遺伝学研究所 ABS学術対策室 鈴木睦昭 室長
12	12:00 昼 食	12:00 昼 食	12:00 昼 食
13	13:00 実 習 「解析サーバーを使用したコマンド操作とバクテリアのゲノム解析演習」 静岡大学 技術部 森内良太 技術専門職員	13:00 講 義 「ナノポアシーケンシング技術の最新情報」 オックスフォードナノポアテクノロジー ズ社 鈴木智氏	13:00 実 習 「多様な Seq 解析と処理の実際について」 有田正規 教授
14		14:00 講 義 「PacBio シーケンシング技術による大規模ゲノム解析」 PacBio Japan 小林孝史氏	
15		15:00 実 習 「DDBJ の役割とリポジトリへのデータ登録」 国立遺伝学研究所 DDBJスタッフ	15:00 閉講式
16	16:30 施設見学 遺伝子実験棟内見学		15:30 施設見学 シーケンサー室、博物館等見学
17	17:15 1 日目終了	17:00 2 日目終了	16:20 三島駅へ各自バス移動、解散

※適宜休憩を取ります

講義・実習概要

「次世代シーケンサーの基礎と解析事例～静岡大学の運用を例として～」

道羅 英夫 教授(静岡大学 静岡共同利用機器センター)

次世代シーケンサーは基礎研究から応用研究まで、様々な研究分野で広く活用されている。本講義では、次世代シーケンサーのアプリケーションや解析手法等について、静岡大学静岡共同利用機器センターゲノム機能解析部の運用事例を交えて紹介する。

「解析サーバーを使用したコマンド操作とバクテリアのゲノム解析演習」

森内 良太 技術専門職員(静岡大学 技術部)

静岡大学遺伝子実験棟に設置されている解析サーバーに接続し、簡単なコマンド操作やスクリプトについて学ぶ。また次世代シーケンサーのリードデータを使用し、バクテリアのゲノムアセンブリやアノテーション等の解析を行う。

「ナノポアシーケンシング技術の最新情報」

鈴木 智 氏(オックスフォード・ナノポアテクノロジーズ社)

オックスフォード・ナノポアテクノロジーズが開発しているナノポアシーケンスは、20bp の短分子から Mb サイズの超長鎖まで幅広く対応し、塩基配列のみならず塩基の修飾情報も得られる画期的なテクノロジーで、その原理から最新情報までをご紹介します。

「PacBio シーケンシング技術による大規模ゲノム解析」

小林 孝史 氏(PacBio Japan)

HiFi リードとも呼ばれる高精度の配列決定能を応用した各種アプリケーションや事例を学びます。新規ゲノムのアセンブリー(De novo assembly)、基準ゲノムを用いたがんゲノム解析、さらにトランスクリプトーム解析やメタゲノム解析を紹介します。

「DDBJ の役割とリポジトリへのデータ登録」

国立遺伝学研究所 DDBJ スタッフ

リポジトリ、データベース、アーカイブの違い、主なデータの寄託先や記載内容、実際の登録方法について学びます。登録には実際の DDBJ のシステムを利用し、間違いやすい部分や問い合わせの多いポイントについて重点的に学びます。

「生物系統とバイオーム、マイクロバイオーム」

有田 正規 教授(国立遺伝学研究所 生命情報・DDBJ センター)

ゲノム情報にもとづく環境モニタリング・評価の最新事情を学びます。生物多様性や持続可能性が重要視されるいま、ゲノム情報は地球全体を安定して測定できる手段の一つです。地球上にどのような生物が存在し、それらがどう測定されうるのか。ゲノム科学の観点からバイオームについて学び、それらデータを検索、利用するウェブサイトや技術について知見を深めます。

「海外からの遺伝資源を円滑に利用するには？～生物多様性条約とデジタル配列情報の議論の最新情報～」

鈴木 睦昭 室長(国立遺伝学研究所 ABS 学術対策室)

植物・動物・微生物などの遺伝資源は、生命系の研究では必須なものです。ところが、生物多様性条約などの国際条約により、遺伝資源の国際間の移転は、ルールが定められています。今回、海外からの遺伝資源を円滑に利用するためのいくつかの条約・法律・ルールなどをご説明します。また、DNA 塩基配列情報なども議論の対象になっており、これらの国際的な動向の最新情報を提供します。

「多様な Seq 解析と処理の実際について」

有田 正規 教授(国立遺伝学研究所 生命情報・DDBJ センター)

ゲノムやトランスクリプトームの処理系には様々なソフトウェアがあり、目的もそれぞれ異なります。よく使われるソフトウェアの目的や手法を理解することで、研究に応じたツールを利活用できるようにします。